

12–16 октября 2026

Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова РАН, г. Москва

IV НАУЧНАЯ КОНФЕРЕНЦИЯ
С МЕЖДУНАРОДНЫМ УЧАСТИЕМ,

посвященная 90-летию со дня рождения академика Юрия Петровича Алтухова

ГЕНЕТИЧЕСКИЕ ПРОЦЕССЫ В ПОПУЛЯЦИЯХ

СБОРНИК МАТЕРИАЛОВ

https://иоген.рф/conference-altuhov-2026



Юрий Петрович Алтухов - академик РАН
(1936 - 2006)
основатель лаборатории популяционной генетики ИОГен РАН



Ю.П. Алтухов в 1970-е гг.



Ю.П. Алтухов в 1980-е гг.

ИНСТИТУТ ОБЩЕЙ ГЕНЕТИКИ ИМ. Н.И. ВАВИЛОВА РАН (ИОГЕН РАН)

МОСКОВСКОЕ ОТДЕЛЕНИЕ МЕЖРЕГИОНАЛЬНОЙ ОБЩЕСТВЕННОЙ ОРГАНИЗАЦИИ ВАВИЛОВСКОЕ ОБЩЕСТВО ГЕНЕТИКОВ И СЕЛЕКЦИОНЕРОВ (МО МОО ВОГИС)

НАУЧНЫЙ СОВЕТ ПО ГЕНЕТИКЕ И СЕЛЕКЦИИ РОССИЙСКОЙ АКАДЕМИИ НАУК

ГЕНЕТИЧЕСКИЕ ПРОЦЕССЫ В ПОПУЛЯЦИЯХ

GENETIC PROCESSES IN POPULATIONS

Материалы IV Научной конференции с международным участием, посвященной 90-летию со дня рождения академика Юрия Петровича Алтухова

Proceedings of the IV Scientific Conference with international participation, dedicated to the 90th anniversary of the birth of Academician Yuri Petrovich Altukhov

Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова РАН, г. Москва, 12–16 октября 2026 г.

Vavilov Institute of General Genetics RAS October 12–16, 2026, Moscow

ИОГен РАН

Москва – 2026

УДК 575
ББК 28.04я431
ISBN 978-5-98446-017-0
DOI 10.48612/altuhov/2026
Г34

Генетические процессы в популяциях

Материалы IV Научной конференции с международным участием, посвященной 90-летию со дня рождения академика Юрия Петровича Алтухова (12−16 октября 2026 г., Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова РАН, г. Москва). – М.: ИОГен РАН, 2026 – 338 с.

Сборник содержит тезисы пленарных, секционных и стендовых докладов, посвященных изучению генетических процессов в популяциях растений, животных и человека, а также генетическим основам видообразования, представленных на IV Научной конференции с международным участием, посвященной 90-летию со дня рождения академика Юрия Петровича Алтухова (Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова РАН, г. Москва, 12−16 октября 2026 г.).

Редакторы: Д.В. Политов, Е.А. Мудрик, М.М. Белоконь, Ю.С. Белоконь, А.В. Шатохина, А.С. Грачева, П.А. Казимиров



Научное издание (Отпечатано с готового оригинал-макета)

© Коллектив авторов, 2026
© Федеральное государственное бюджетное учреждение науки Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова РАН, 2026

Дорогие участники конференции!

IV Научная конференция с международным участием "Генетические процессы в популяциях" приурочена к 90-летию со дня рождения выдающегося советского и российского генетика академика Юрия Петровича Алтухова.

Юрий Петрович Алтухов заложил основы отечественной научной школы популяционной генетики. Им было описано явление генетического мономорфизма видов, предложено обоснование концепции оптимального генетического разнообразия популяций и созданы модели динамики генофондов, критически важных для сохранения биологических ресурсов. Многие из разработанных им направлений продолжают успешно развивать его ученики и последователи.

Нынешний форум — это замечательная возможность познакомиться с новейшими открытиями и наблюдениями в области популяционной, эволюционной, природоохранной и экологической генетики, узнать о том, как современная наука представляет себе процессы видообразования и генетические механизмы, лежащие в основе этих процессов.

Живое, насыщенное общение, горячие дискуссии позволят участникам конференции обменяться знаниями, установить профессиональные контакты, встретиться с авторами интересных исследований лично и задать им вопросы, которые позволят лучше понять полученные ими результаты и, возможно, наметить планы для будущих совместных работ.

Желаю всем участникам интересной и плодотворной работы, новых интересных идей и планов!

Андрей Мисюрин
Сопредседатель Программного комитета
Директор ИОГен РАН

Уважаемые коллеги, дорогие друзья!

От имени Программного комитета и от себя лично сердечно рад приветствовать всех участников нашей традиционной и получившей уже большое признание в научном сообществе конференции по популяционной генетике, посвящённой памяти выдающегося учёного – Юрия Петровича Алтухова. Мне, как и многим другим участникам, посчастливилось поработать под руководством этого замечательного учёного, истинного патриота страны. Его научные труды внесли фундаментальный вклад в развитие совр еменной популяционной генетики, в понимание генетической структуры природных популяций и механизмов поддержания биологического разнообразия. Идеи Юрия Петровича во многом определили направление исследований в области микроэволюции, адаптации и сохранения генетических ресурсов природных видов. Сегодня популяционная генетика переживает новый этап развития благодаря геномным технологиям и междисциплинарным подходам. Однако фундамент, на котором строятся современные исследования, во многом заложен трудами учёных, к числу которых по праву относится Юрий Петрович Алтухов. Пусть эта конференция станет площадкой для обмена идеями, обсуждения новых научных результатов и укрепления научного сотрудничества. Уверен, что представленные доклады и дискуссии будут способствовать дальнейшему развитию популяционной генетики и сохранению научного наследия Юрия Петровича.

Желаю всем участникам плодотворной работы, интересных обсуждений и новых научных достижений.

Константин Крутовский
Сопредседатель Программного комитета

Дорогие коллеги!

В этом году исполняется 90 лет со дня рождения выдающегося учёного в области генетики популяций – академика Юрия Петровича Алтухова. Приуроченная к этому событию IV Научная конференция с международным участием «Генетические процессы в популяциях», посвящённая 90-летию со дня рождения академика Юрия Петрович Алтухова, проходит 12-16 октября 2026 г. на базе Института общей генетики им. Н.И. Вавилова РАН. Мы рады от имени Организационного и Программного комитетов Конференции приветствовать участников.

Настоящая конференция – четвёртая в ряду юбилейных мероприятий подобного рода. Предыдущие прошли в 2011, 2017 и 2022 годах. Биография Ю.П. Алтухова и его путь в науке были освещены ранее в нескольких публикациях, приуроченных к предыдущим персональным юбилейным датам (Политов, Салменкова, 2011) и юбилеям созданной им лаборатории (Салменкова, Политов, 2017; Политов, Салменкова, 2022 а,б,в), к связанным с этими датами конференциям (Политов, Мудрик, 2023) и спецвыпускам журналов, а также в биографической брошюре серии «Жизнь замечательных людей» ИОГен РАН (Политов, Салменкова, 2021). 90-летнему юбилею Ю.П. Алтухова, отмечаемому в этом году, посвящены юбилейные номера журналов «Генетика» (№ 11 за 2026 г.) и «Успехи современной биологии» (№ 5 за 2026 г.).

Авторитет Ю.П. Алтухова среди специалистов в области популяционной генетики и смежных дисциплинах остаётся неизменно высоким, надеемся, что и рейтинг конференции его памяти также постепенно растёт. Мы ценим отклик коллег, кто лично знал Юрия Петровича, кто сотрудничал с ним и созданной им лабораторией популяционной генетики ИОГен РАН, его учеников и последователей, всех тех, кто изучал и продолжает изучать, осмысливать, использовать и цитировать его идеи и научные труды. Нас всех объединяет наука, которой Юрий Петрович посвятил жизнь, к становлению которой в нашей стране приложил максимум усилий – генетика популяций.

Организаторы рады, что эти встречи становятся традиционными и регулярными и помогают сохранить и развить научное наследие Ю.П. Алтухова, его коллег и соратников. Но наша конференция призвана не только хранить и преумножать багаж прошлых десятилетий. Это научный форум, призванный стать смотром новых идей, путей решения проблем, методологического прогресса. Традиционно это также площадка живого непосредственного общения специалистов из разных регионов, представителей разных дисциплин и различных точек зрения, в продуктивных дискуссиях которых рождается научная истина.

Мы благодарим всех, кто принимает участие в организации конференции, оказывает партнёрскую поддержку, работает над программой, решает технические и логистические вопросы. И мы искренне благодарны участникам, нашедшим возможность приехать на конференцию лично, они сами создают неповторимую атмосферу научного события, где не только докладываются и обсуждаются уже полученные результаты, но и в процессе научного общения зарождаются новые точки роста генетики популяций – науки, имеющей сложившиеся традиции и в то же время имеющей огромный потенциал развития.

На конференции представлены результаты оригинальных исследований участников, имеющие весомую теоретическую и практическую значимость. Продуктивные дискуссии предоставляют докладчикам возможность получить профессиональную и

доброжелательную оценку их достижений, а всем участникам в конечном итоге – вдохновение и силы продолжать полный открытий путь к научной истине.

Традиционно конференция проходит в формате очных пленарных и секционных сессий, что позволяет участникам испытать радость живого общения с коллегами. Успех Конференции, помимо усилий организаторов, решающим образом зависит от активности самих участников. Надеемся, что совместные усилия делают нашу встречу одинаково полезной, интересной, комфортной и по-человечески приятной.

Дмитрий Политов
Председатель Оргкомитета,
сопредседатель Программного комитета

Публикации

Политов Д.В., Мудрик Е.А. Научная конференция с международным участием “Генетические процессы в популяциях” (Москва, 11–14 октября 2022 г.) // Генетика. 2023. Т. 59 (4). С. 487–488. https://doi.org 10.31857/S0016675823040094

Политов Д.В., Салменкова Е.А. Академик Юрий Петрович Алтухов и его научное наследие // Сб. тезисов Межд. конф. «Проблемы популяционной и общей генетики», посвященной 75-летию со дня рождения академика Ю.П. Алтухова. М.: Цифровичок, 2011. С. 44-46.

Политов Д.В., Салменкова Е.А. Юрий Петрович Алтухов. Москва: ООО «Акварель», 2021. 32 с.

Политов Д.В., Салменкова Е.А. 50 лет лаборатории популяционной генетики им. академика Ю.П. Алтухова ИОГен РАН // Генетические процессы в популяциях. Материалы Научной конференции с международным участием, посвященной 50-летнему юбилею лаборатории популяционной генетики им. Ю.П. Алтухова ИОГен РАН и 85-летию со дня рождения академика Юрия Петровича Алтухова, Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова РАН, г. Москва, 11-14 октября 2022 г. (под ред. Политов Д.В., Мудрик Е.А., Белоконь М.М. и др.) / Москва: «Ваш формат», 2022а. С. 3-10.

Политов Д.В., Салменкова Е.А. К 50-летнему юбилею лаборатории популяционной генетики им. Академика Ю.П. Алтухова ИОГен РАН // Генетика. 2022б. Т. 58. № 11. С. 1223-1224 DOI 10.31857/S001667582211008X

Политов Д.В., Салменкова Е.А. Лаборатории популяционной генетики им. академика Ю.П. Алтухова ИОГен РАН – 50 лет // Успехи современной биологии. 2022в. Т. 142. № 5. С. 419-423 DOI 10.31857/S0042132422050106

Салменкова Е.А., Политов Д.В. История лаборатории популяционной генетики Института общей генетики им. Н.И. Вавилова РАН // Генетика. 2017. Т. 53. № 11. С. 1237-1243. DOI 10.7868/S0016675817110108

DOI: 10.48612/altuhov/2026_00-01

Ранние работы Ю.П. Алтухова и их роль в формировании его научных взглядов

Политов Д.В.*, Салменкова Е.А.
Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова РАН, Москва, Россия
*e-mail: dvp@vigg.ru

Early works of Yuri P. Altukhov and development of his scientific views

Politov D.V.*, Salmenkova E.A.
Vavilov Institute of General Genetics, Russian Academy of Sciences, Moscow, Russia
* e-mail: dvp@vigg.ru

Резюме. Юрий Петрович Алтухов – основатель ведущей школы популяционной генетики в СССР/России, организатор лаборатории генетики ИБМ ДВНЦ АН СССР, лаборатории популяционной генетики ИОГен АН СССР (РАН), директор ИОГен РАН, академик РАН. Окончив в 1954 г. Мосрыбвтуза, Ю.П. Алтухов посвятил ранние этапы своей научной карьеры исследованию популяций рыб, активно заинтересовавшись генетикой в то время, когда эта наука в СССР была под запретом. Он прошел путь от изучения пространственного распределения и оптомоторных реакций рыб до генетического анализа различных популяций морских и анадромных рыб с помощью иммунохимического и электрофоретического анализа белков. Мы проследили формирование взглядов Ю.П. Алтухова на природные популяции как объекты комплексного воздействия различных интегрирующих и дифференцирующих факторов. Локальные стада рыб как самовоспроизводящиеся и саморегулирующиеся единицы вида стали для ученого прообразом генетически стабильных, иерархически организованных популяционных систем. Развитие этих взглядов на генетические процессы в популяциях рыб позволило Ю.П. Алтухову заложить фундамент его более поздних концепций, имеющих фундаментальное общебиологическое значение.
Ключевые слова: академик Ю.П. Алтухов, популяционная генетика, рыбы, популяционные системы, иммуногенетика

Abstract. Yuri Petrovich Altukhov is the founder of the leading school of population genetics in the USSR/Russia, the organizer of the Laboratory of Genetics at the Institute of Biology of the Far Eastern Center of the USSR Academy of Sciences, the Laboratory of Population Genetics at Vavilov Institute of General Genetics of the USSR Academy of Sciences (later RAS), the Director of the Vavilov Institute of General Genetics RAS, and Academician of the Russian Academy of Sciences. After graduating from Moscow Fisheries Institute in 1954, Yu. P. Altukhov devoted the early stages of his scientific career to studying fish populations, becoming actively interested in genetics at a time when this science was banned in the USSR. He progressed from studying the spatial distribution and optomotor responses of fish to conducting genetic analysis of various populations of marine and anadromous fish using immunochemical and electrophoretic analysis of proteins. We traced the development of Yu. P. Altukhov's views on natural populations as objects of complex influence by various integrating and differentiating factors. Local fish stocks, as self-reproducing and self-regulating units of the species, became for the scientist the prototype of genetically stable, hierarchically organized population systems. The development of these views on genetic processes in fish populations allowed Yu. P. Altukhov to lay the foundation for his later concepts, which have fundamental general biological significance.

Keywords: Academician Yu.P. Altukhov, population genetics, fish, population systems, immunogenetics

Юрий Петрович Алтухов родился 11 октября 1936 г. в с. Елань-Колено Воронежской обл. В результате потери отца вследствие репрессий семья переехала в Москву. В 1954 г. Юрий поступил в ведущее учебное рыбохозяйственное заведение страны – Мосрыбвтуз (Московский технический институт рыбной промышленности и хозяйства). Ещё в студенческие годы он заинтересовался генетикой – наукой в те времена фактически запрещенной. Вероятно, этот интерес возник вследствие осознания молодым учёным способности генетики решать фундаментальные проблемы биологии, пришло и понимание того, что популяционный уровень организации живой материи является ключевым для функционирования биосферы. Не менее важным представлялся и тот факт, что популяционная генетика может успешно решать актуальные практические задачи.

Реальная арена применения генетического подхода в период запрета была очень ограниченной. В ходе практики на базе Саратовского филиала Государственного института озерного рыбного хозяйства (ГОСНИОРХ) Юрий Петрович участвовал в опытах по межвидовой гибридизации рыб, в частности по выведению перспективного для аквакультуры гибрида осетровых рыб белуги и стерляди – бестера (Рисунок 1). Руководил этими экспериментами ихтиолог, ведущий в стране специалист по межвидовой гибридизации рыб и ее роли в акклиматизации профессор Н.И. Николюкин. Искусственная гибридизация была зоной, близкой к генетике, но не попадавшей под жесткие ограничения из-за практической направленности, связанной с использованием явления гетерозиса для повышения продуктивности.



Рисунок 1 – Ю.П. Алтухов и межвидовой гибрид осетровых рыб – бестер.

По окончании обучения в Мосрыбвтузе, в 1959 г., Ю.П. Алтухов становится сотрудником Карадагской биологической станции Академии наук УССР, изучая

различные аспекты физиологии промысловых рыб Понто-Каспия. Он осваивает ряд экспериментальных методов, в том числе исследования зрительных и оптомоторных реакций некоторых черноморских рыб (кефаль-лобан *Mugil cephalus*, черноморская султанка, или барабулька *Mullus barbatus ponticus*, анчоус, или хамса *Engraulis encrasicolus* и др. Основным выводом стало проявление оптомоторной реакции главным образом у стайных пелагических рыб, а у видов, ведущих прикрепленный или придонный образ жизни – лишь на личиночных стадиях, которым присуще стайное поведение.

После знакомства Юрия Петровича с работами Бориса Петровича Ушакова, в сферу внимания молодого экспериментатора попадают реакции теплоустойчивости тканей рыб, в частности крупной и мелкой форм ставриды *Trachurus trachurus* в Азово-Черноморском бассейне. Термостабильность тканей рассматривалась в рамках концепции Б.П. Ушакова как важный таксономический, определяющий вид признак у пойкилотермных животных. Цитофизиологическая дифференцировка группировок так называемой «крупной» и «мелкой» ставриды не только пополнила арсенал освоенных Ю.П. Алтуховым методов, но и стала первым опытом изучения природных популяций рыб в стране.

Однако знакомство с собственно генетическими методами была еще впереди. Юрий Петрович становится сотрудником АзЧерНИРО (Азово-Черноморский НИИ морского рыбного хозяйства и океанографии), где под руководством В.В. Лиманского, сотрудника лаборатории онтогенеза кафедры ихтиологии биолого-почвенного факультета МГУ им. М.В. Ломоносова и при участии выпускников и сотрудников биофака МГУ А.В. Паюсовой и К.А. Трувеллера, развернулись исследования дифференциации аквабионтов с помощью иммунохимических методов. Исследования популяционной структуры водных организмов с помощью анализа частот групп крови сразу дало эффект, поскольку появилась возможность выявлять скрытую наследственную серологическую изменчивость, имеющую дискретный характер и находящуюся под олигогенным контролем. Реабилитация генетики в СССР после 1964 г. дала и возможность открыто называть такую изменчивость генетической.

Анализ Ю.П. Алтуховым с соавторами частот групп крови азово-черноморского анчоуса позволил впервые выявить неоднородность популяционно-генетической структуры вида. На основании качественных антигенных различий по водорастворимым белкам мышц у черноморского анчоуса была обоснована гипотеза о существовании у него видов-двойниками.

Постепенно в ходе исследований популяционно-генетической структуры различных видов рыб Юрий Петрович все больше уделяет внимание теоретическим вопросам структуры вида рыб. Его возвращение в Москву и поступление в аспирантуру биолого-почвенного факультета МГУ им. М.В. Ломоносова знаменует начало нового этапа научной деятельности. Руководителем кандидатской диссертационной работы Ю.П. Алтухова «Цитофизиологический, серологический и морфологический анализ внутривидовой дифференцировки ставриды Черного моря» [1] стал известный ихтиолог Н.В. Лебедев. Ю.П. Алтухов пошёл дальше руководителя, считавшего элементарные популяции рыб ненаследственными, он сконцентрировался в своей работе на наследственных различиях популяций, поиском собственно генетических механизмов внутривидовой дифференциации и роди этой дифференциации в адаптации. Развитие методов иммунохимической генетики обеспечило методическую основу дальнейших разработок в этой области.

В начале 1960-х гг. ситуация на биолого-почвенном факультете МГУ сложилась весьма благоприятным образом для расширения поля деятельности группы молодых специалистов в области генетики рыб − вуз заключил хоздоговор, заказчиком которого выступил Полярный институт морского рыбного хозяйства и океанографии (ПИНРО, ныне филиал ВНИРО, г. Мурманск). В это время Советский Союз готовился к активному освоению акваторий Мирового океана, и изучение биоресурсов аквабионтов стало чрезвычайно актуальной задачей как в свете организации рациональной их эксплуатации, так и квотирования промысла в международных и территориальных водах. Основным объектом договора с ПИНРО были популяции морского окуня Северной Атлантики. Масштабная экспедиция по их изучению и сбору материала для генетического анализа состоялась в 1963 г. и длилась 4 месяца и 18 дней. Экспедиция базировалась на научно-исследовательском судне «Севастополь» и вышла из Мурманска, проследовав от севера Скандинавии к южным побережьям Исландии, и Гренландии и далее вдоль побережья Лабрадора к Ньюфаундлендской банке – основной части ареала морских окуней рода *Sebastes* (сем. Скорпеновых – Scopaenidae). В те времена считалось, что они представлены в Северной Атлантике двумя номинативными видами: золотистым, или обыкновенным морским окунем *S. marinus* и клюворылым морским окунем *S. mentella*, таксономически близкими и формирующими комплекс со сложными и неясными взаимоотношениями. Для разрешения поставленной задачи были привлечены молодые сотрудники и аспиранты биофака МГУ Ю.П. Алтухов (Рисунок 2), К.А. Трувеллер, Г.Н. Нефедов, А.Н. Паюсова и Н.М. Алферова. На борту НИС «Севастополь» экспериментаторы содержали четырех кроликов, иммунизированных *S. marinus и* S. *mentella.* Иммунная сыворотка кроликов использовалась для выявления групп крови у морских окуней. Исследование выделяется своим масштабом – было взято более 20 выборок на протяжении маршрута от Исландии до Ньюфаундленда и еще 75 – на самой Ньюфаундлендской банке. Выделялся этот проект и хорошим планированием экспериментов, которые проводились в сложных условиях на борту судна. Результаты были отражены в публикациях [2] и докторской диссертации Ю.П. Алтухова.

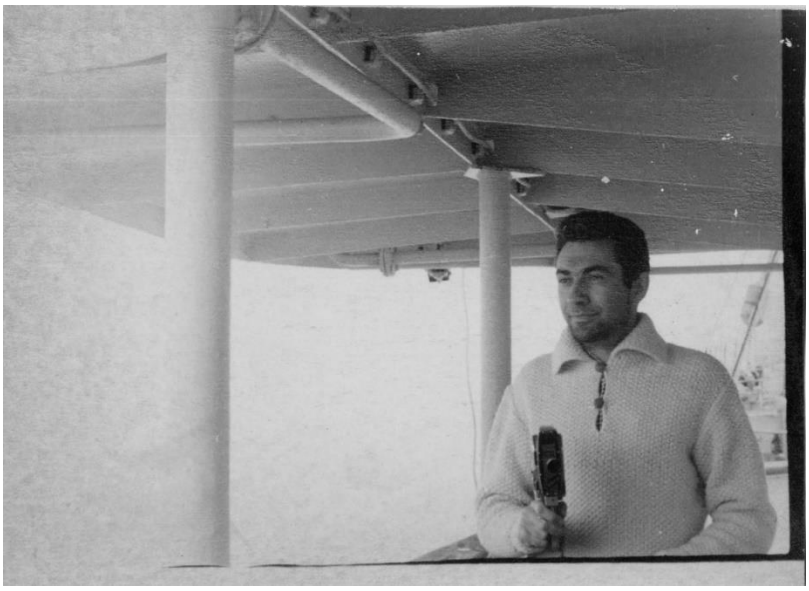


Рисунок 2 – Ю.П. Алтухов на палубе НИС «Севастополь».

В результате обобщения всех полученных данных постепенно сложились взгляды Ю.П. Алтухова на популяционные системы как основу стабильности вида, где подвижность частей – отдельных выборок, противопоставлена стабильности системы в

целом. Представления о физиолого-биохимическом гомеостазе, сформулированные Б.П. Ушаковым, трансформировались в идею об устойчивом равновесии на популяционном уровне [3], поддерживаемом балансом центробежных, дифференцирующих факторов, таких как мутационный процесс, генетический дрейф, дизруптивный отбор, и, с другой стороны − сил центростремительных. В числе таких интегрирующих генофонд факторов Юрий Петрович рассматривал не только и не столько миграции, поток генов, сколько стабилизирующий отбор, особое внимание уделяя отбору балансирующему, основанному на сверхдоминировании, то есть адаптивном преимуществе гетерозигот. Сформированные на раннем этапе представления о популяциях как иерархически организованных системах, в которых действуют одновременно, но в разных ситуациях в разных пропорциях, различные факторы динамики популяционных генофондов станут основой дальнейшего развития его теоретического научного наследия [2-6], которое неизменно будет им использоваться для решения актуальных практических задач [5].

Подводя итоги рассмотрения раннего этапа научной деятельности Ю.П. Алтухова, отраженной в его публикациях 1960-х гг., мы должны отметить несколько ключевых моментов. Во-первых, многие из основ научных представлений Юрия Петровича сложились уже в то время в результате анализа литературы, восприятия и творческой переработки концепций его учителей, теоретических рассуждений и продуманного и профессионального анализа эмпирических данных, которые были получены с помощью передовых для того времени полевых, лабораторных и статистических методов. Переход от морфологического анализа к цитофизиологии, а затем и к иммуногенетике, позволил получить системные знания о внутривидовой структуре нескольких важных в экономическом отношении видов рыб и обобщить их в обзорных (включая «самообзоры»), теоретических работах и монографиях [2-6]. Второй момент, который нужно отметить, это постоянное подчеркивание автором этих пионерских работ связи между теорией популяционной генетики и практикой рыбного хозяйства [3]. Любое положение позиционируется в плане его важности для управления популяциями рыб, сохранения и рационального использования их запасов (в дальнейшем в активном лексиконе советских и российских популяционных генетиков появится термин «генофонд», предложенный в 1928 г. А.С. Серебровским).

Следующим этапом научной карьеры Юрия Петровича Алтухова был переезд во Владивосток и создание им новой специализированной лаборатории генетики в Институте биологии моря ДВНЦ АН СССР, знакомство с новыми объектами – тихоокеанскими лососями. Затем последовало приглашение и переезд в Москву, в Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова АН СССР и создание главного «детища» Ю.П. – лаборатории популяционной генетики.

Полный текст статьи и библиография опубликованы в спецвыпуске журнала «Успехи современной биологии», посвящённом 90-летнему юбилею Ю.П. Алтухова [7].

Список литературы

1. Алтухов Ю.П. Цитофизиологический, серологический и морфологический анализ внутривидовой дифференцировки ставриды Черного моря: Автореф. дис. ... канд. биол. наук. М.: МГУ им. М.В. Ломоносова, 1964. 19 с.
2. Алтухов Ю.П. Генетические процессы в популяциях. М.: Наука, 1983. 279 с.
3. Алтухов Ю.П. Локальные стада рыб как генетически стабильные популяционные системы // Биохимическая генетика рыб. Л.: Ин-т цитологии АН СССР, 1973. С. 43–53.
4. Алтухов Ю.П. Популяционная генетика рыб. М.: Пищ. пром-ть, 1974. 246 с.
5. Алтухов Ю.П. Генетика природных популяций и ресурсы биосферы // Вестн. АН СССР. 1975. № 10. С. 37–45.

6. Алтухов Ю.П. Проблемы популяционно-генетической организации вида у рыб // Журн. общей биол. 1977. Т. 38 (6). С. 893–906.
7. Политов Д.В., Салменкова Е.А. Ранние научные работы Ю.П. Алтухова и формирование его научных взглядов // Успехи современной биологии. 2026. Т. 146. № 5. С. 471–478.

Информация об авторе:
Политов Дмитрий Владиславович, ORCID ID 0000-0003-1569-5565

DOI: 10.48612/altuhov/2026_00-02

К вековому юбилею первого исследования по генетике дикой популяции дрозофил, осуществленного С.С. Четвериковым на Звенигородской биостанции

Воронецкий В.И.
Биологический факультет МГУ им. М.В. Ломоносова, Москва, Россия
*e-mail: *ya-vlvoron@yandex.ru*

On the centenary of Chetverikovs first study on the genetics of the wild population of Drosofila, carried out at the Zvenigorod Biological Station of the Institute of Experimental Biology

Voronetskij V.I.
Faculty of Biology Lomonosov Moscow State University, Moscow Russia
*e-mail: *ya-vlvoron@yandex.ru*

Резюме. Обсуждены обстоятельства проведения самого первого фундаментального изучения природной популяции дрозофил в послереволюционной России, охарактеризованы личностные качества С.С. Четверикова как творческой личности, описаны условия исследовательской работы созданного им объединения молодых ученых, приведены имена участников и сотрудников, участвовавших в этом исследовании.
Ключевые слова: генетика популяций, синтез генетики и дарвиновской теории, С.С. Четвериков и Н,К. Кольцов, генетический отдел ИЭБ, Звенигородская биостанция

Abstract. The circumstances of the first fundamental study of the natural population of Drosofila in post-revolutionary Russia are described, Chetverikov”s personal qualities as a creative individual are characterized, the conditions of research work and the creative association of young scientists he created are described, and the names of the participants and employees who took part in this study at the Zvenigorod Biological Station are provided.
Keywords: population genetics, synthesis of genetics and Darwinian theory, Chetverikov and Koltsov, genetic department of the Institute of Experimental Biology, Zvenigorod Biological Station

Сергей Сергеевич Четвериков вошёл в историю науки как один из первых учёных, доказательно соединивший идеи эволюционной теории с генетической наукой, наметив путь к изучению генетики популяций. Сегодня в любом научном справочнике можно прочесть, что Четверикову удалось разрешить конфликт, который не затухал 2-3 десятилетия между последователями Дарвина, с одной стороны, отрицавшими корпускулярную природу наследственности, и якобы исключавшую возможность изменчивости и эволюции видов, и генетиками – с другой; последних обвиняли не только в антидарвинизме, но и в антиэволюционизме. Сущность научного вклада С.С. Четверикова в развитие биологии XX века заключается в убедительном доказательстве, что единицей эволюционного процесса является не отдельный организм, а популяция.

При жизни он опубликовал лишь 2-3 десятка статей, но мировое признание получил лишь посмертно. Причиной тому послужили обстоятельства политического и социального характера.

Сергей Сергеевич был представителем купеческого рода, богатого творческими личностями с чертами лучшей части русской интеллигенции. Дед был известным благотворителем. Брат матери – Н. А. Алексеев – московский выборный голова, построивший множество исторических зданий – для Городской Думы (быв. музей Ленина), для больниц и Третьяковской галереи. Другой брат стал организатором труппы Художественного театра (Станиславский). Родители Четверикова знали иностранные языки, дружили с музыкантами и художниками. У их потомка рано проявился интерес к природе, с детства он коллекционировал насекомых. В реальном училище Четвериков услышал о трудах Дарвина и заявил отцу, что хочет стать профессором зоологии. Чтобы реализовать мечту и поступить в университет, потребовалось сдать 18 экзаменов на гимназический аттестат зрелости. И Четвериков за месяц сдал все, а на последнем его свалил тяжелейший брюшной тиф, ослабивший память и работоспособность.

Тем не менее он поступил в Московский университет и окончил его в 1906 г. За блестящие успехи был оставлен для подготовки к профессорскому званию. К 1909 г. сдал экзамены и защитил магистерскую диссертацию. Кольцов, работавший на Высших женских курсах, пригласил его туда же на должность лаборанта, а в 1917 г. он пригласил Четверикова (одним из первых) в организуемый им Институт экспериментальной биологии Наркомздрава (ИЭБ), где в 1921 г. предложил возглавить группу, ведущую генетические исследования. На кольцовской кафедре общей зоологии в 1-м МГУ С.С. Четвериков преподавал курсы биометрии и энтомологии, а с 1925 г. – курс генетики, совмещая работу в разных учреждениях.

В 1922 г. в СССР был приглашен американский генетик-коммунист Меллер (ученик Т. Моргана), привёзший 20 культур дрозофил и демонстрировавший их всем биологам на соседней Аниковской генетической станции. Высокая морфологическая изменчивость этого объекта открывала большие исследовательские перспективы и Кольцов предложил Четверикову специально заняться изучением диких популяций, существующих в природной среде (в лабораторных условиях этот объект уже изучали ДД. Ромашев и Н.В. Тимофеев-Ресовский). В ИЭБ был создан специальный генетический отдел, в летнее время целиком переезжавший работать на Звенигородскую биостанцию.

Своеобразие этой исторической эпохи (между гражданской войной и идеологическим зажимом конца 1920-х гг.) проявилось в оживлении надежд русской интеллигенции, в активизации гражданских инициатив при постепенном восстановлении экономики с провозглашением НЭПа. Многим ученым приходилось вести полуголодное существование и работать в 4-5 учреждениях. Условия научной работы на Звенигородской биостанции многим казались идеальными, здесь каждый умный и образованный человек мог реализовать свои научные устремления, никем и никак не регламентируемые. И хотя эта эпоха свободы продолжалась буквально несколько лет, она дала невиданную вспышку идей и энтузиазма, которые оставили заметный след в создании в стране множества новых учреждений и новых научных идей, разрабатываемых в них.

Четвериков, работавший на кафедре Кольцова в МГУ и в ИЭБ, организовал из талантливой молодежи особый семинар, шутливо называемый «Соор», и поставил своей целью подготовить из них специалистов высокого класса, широко эрудированных, хорошо знающих генетические исследования, владеющих иностранными языками,

умеющих критично анализировать чужие исследования и самостоятельно определять перспективы собственных работ. В разные годы в кружке Четверикова состояли Б.Л. Астауров, Е.И. Балкашина, С.М. Гершензон, Н.П. Дубинин, Н.В. Тимофеев-Ресовский, П.Ф. Рокицкий, А.Н. Промптов, В.В. Ромашов, В.П. Эфроимсон и ряд других, в будущем – крупные специалисты, получившие широкое признание. Число участников ограничивалось 10-12 персонами, жестко отобранными самими участниками; в обязательном порядке его посещали Н.К. Кольцов, С.Л. Фролова, П.И. Живаго и другие.

В течение нескольких сезонов на Нижней Даче Звенигородской биостанции группа молодых ученых изучала насекомых, отловленных в природе; по итогам этой работы Четвериков опубликовал статью «О некоторых моментах эволюционного процесса с точки зрения современной генетики» (Журнал экспериментальной биологии, 1926). В следующем году состоялся V Международный генетический конгресс в Берлине, где он доложил основные положения своей работы и получил всеобщее признание зарубежных ученых. Низкорослый Мёллер в перерыве заседания даже подпрыгнул, чтоб обхватить высокого Четверикова и расцеловать его в щеки. Доклад Четверикова запустил во многих странах широкий фронт генетических исследований, которые впоследствии соединили дарвинизм с генетикой популяций, сняли все противоречия и обосновали современную синтетическую теорию эволюции.

Информация об авторе:
Воронецкий Владимир Иванович, ORCID ID 0009-0008-7489-8120

DOI: 10.48612/altuhov/2026_00-03

Концепция Ю. П. Алтухова об эволюционной роли генетического мономорфизма и оптимальной внутрипопуляционной генетической изменчивости в свете современных полногеномных данных

Крутовский К.В.[1,2,3,4]
[1]*Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова РАН, Москва, Россия*
[2]*Гёттингенский университет им. Георга-Августа, Гёттинген, Германия*
[3]*Сибирский федеральный университет, Красноярск, Россия*
[4]*Воронежский государственный лесотехнический университет им. Г. Ф. Морозова, Воронеж, Россия*
** e-mail: kkrutovsky@gmail.com*

Yu. P. Altukhov's concept on the evolutionary role of genetic monomorphism and optimal intrapopulation genetic variation in light of modern whole-genome data.

Krutovsky K.V.[1,2,3,4]
[1]*Vavilov Institute of General Genetics, Russian Academy of Sciences, Moscow, Russia*
[2]*Georg-August-Universität Göttingen, Göttingen, Germany*
[3]*Siberian Federal University, Krasnoyarsk, Russia*
[4]*G.F. Morozov Voronezh State University of Forestry and Technologies, Voronezh, Russia*
** e-mail: kkrutovsky@gmail.com*

Резюме. Концепция Ю.П. Алтухова о генетическом мономорфизме и оптимальной внутрипопуляционной генетической изменчивости рассматривается в свете современных полногеномных исследований. Данные популяционной геномики подтверждают существование в геноме высококонсервативных участков, находящихся под сильным

очищающим отбором, а также важность поддержания определённого уровня генетического разнообразия для долгосрочной адаптивности и устойчивости популяций. Вместе с тем полногеномное секвенирование показало, что генетическая изменчивость распределена по геному значительно шире, чем предполагалось ранее, а жёсткое разделение генома на мономорфную и полиморфную части не находит подтверждения. Кроме того, выявленная широкая распространённость интрогрессии и межвидового обмена генетическим материалом свидетельствует о большей динамичности геномной организации видов. Таким образом, современные геномные данные хотя и не подтверждают гипотезу абсолютного генетического мономорфизма в буквальном виде, но в значительной степени развивают её и поддерживают представление Алтухова о популяции как о системе, характеризующейся эволюционно оптимальным и структурно организованным уровнем генетической изменчивости.

Ключевые слова: адаптивность, генетический мономорфизм, оптимальная генетическая изменчивость, полногеномное секвенирование, эволюция

Abstract. Yuri P. Altukhov's concept of the evolutionary significance of genetic monomorphism and optimal intrapopulation genetic variability are re-evaluated in light of contemporary whole-genome data. Advances in population genomics have confirmed the existence of highly conserved genomic regions maintained by strong purifying selection and have demonstrated the crucial role of genetic diversity in sustaining population viability, adaptive potential, and long-term evolutionary persistence. At the same time, genome-wide analyses reveal that genetic variation is far more pervasive and continuously distributed across genomes than previously assumed, providing little support for a strict partitioning of the genome into monomorphic and polymorphic components. Furthermore, extensive evidence for introgression, hybridization, and gene flow among closely related taxa indicates that species genomes are more dynamic and permeable than envisioned in classical population-genetic models. Thus, while modern genomic data do not literally support the hypothesis of the absolute genetic monomorphism, they broadly corroborate Altukhov's central idea that populations are organized systems characterized by an evolutionarily optimal and functionally structured level of genetic variation. His theoretical framework therefore retains considerable relevance for contemporary evolutionary and conservation genomics.

Keywords: adaptability, genetic monomorphism, optimal genetic variability, whole-genome sequencing, evolution

Оригинальная концепция Юрия Петровича Алтухова об эволюционной роли генетического мономорфизма и оптимальной внутрипопуляционной генетической изменчивости занимают в настоящее время промежуточное положение между классическим неодарвинизмом и более системным современным взглядом на организацию популяций. Он утверждал, что 1) в геноме существует значительная мономорфная часть, практически неизменная в пределах вида и обеспечивающая его целостность, 2) полиморфизм сосредоточен лишь в определённой части генома, и 3) для популяции существует оптимальный уровень генетической изменчивости: как слишком низкая, так и слишком высокая изменчивость снижают адаптивность и устойчивость популяции [1-3].

Если сравнить эти идеи с современными полногеномными данными (секвенирование целых геномов, популяционная, сравнительная и эволюционная геномика), получается довольно интересная картина: некоторые положения получили неожиданное подтверждение, а некоторые были существенно пересмотрены.

Современные данные подтверждают существование очень консервативной части генома. Сегодня известно, что многие участки генома и гены действительно демонстрируют чрезвычайно низкую вариабельность, такие как гены эмбрионального

развития, выполняющие важные функции и ключевые регуляторные гены. Многие участки генома находятся под сильным очищающим отбором и представляют ультраконсервативные последовательности.

Во многих видах большая часть новых мутаций в таких регионах является вредной и быстро удаляется отбором. Поэтому внутри вида эти участки выглядят почти мономорфными. Это хорошо согласуется с предположением Ю. П. Алтухова о существовании генетического «каркаса» вида [4]. Однако современная геномика показывает, что речь идёт не о фиксированной «двухтретьей мономорфной части генома», а о непрерывном спектре уровней изменчивости.

Оптимум разнообразия, предложенный Ю.П. Алтуховым действительно существует. В популяционной геномике накоплено огромное количество данных, показывающих, что:

- потеря разнообразия вследствие инбридинга ведёт к снижению приспособленности;
- малые популяции часто страдают от накопления вредных мутаций;
- генетическое разнообразие повышает адаптационный потенциал популяций.

С другой стороны, многие признаки находятся под стабилизирующим отбором, который не допускает бесконечного роста изменчивости. Модели стабилизирующего отбора и данные по количественным признакам показывают существование равновесия между мутациями, отбором и дрейфом [5]. В этом смысле идея Ю.П. Алтухова об «оптимальной изменчивости» оказалась ближе к современным представлениям, чем может показаться. Адаптация часто использует ограниченный набор вариантов. Полногеномные исследования показывают, что многие адаптивные изменения происходят не за счёт бесконечного числа новых мутаций, а за счёт перестройки частот уже существующих аллелей в популяции. Это хорошо согласуется с представлением Ю.П. Алтухова о том, что популяция является системой с определённым и не случайным запасом генетической изменчивости.

В тоже время необходимо отметить, что современные данные опровергают жёсткое разделение генома на абсолютно мономорфную и полиморфную части. Секвенирование тысяч геномов человека, насекомых, рыб, растений и других организмов показало, что 1) вариабельность распределена по всему геному, 2) практически любой ген может содержать полиморфные сайты и 3) различия носят скорее количественный, а не качественный характер.

Современная популяционная геномика рассматривает геном как мозаику областей с разной интенсивностью отбора и разной историей эволюции, а не как сочетание двух строго разделённых блоков [4].

Сегодня известно, что даже у внешне очень стабильных видов обнаруживается огромное количество скрытой геномной изменчивости. Например, геномы человека различаются между двумя миллионами нуклеотидов. При этом значительная часть адаптации связана с редкими вариантами, а структурные варианты и вариации числа копий генов оказались гораздо более распространёнными, чем предполагалось в эпоху аллозимного анализа. Поэтому представление о широком видовом мономорфизме в первоначальном смысле не подтверждается.

Представление о «виде как генетически замкнутой системе» также оказалось неверным. Полногеномные исследования последних двадцати лет выявили чрезвычайную распространённость интрогрессии, гибридизации, переноса адаптивных генов между видами. Даже у человека обнаружены значительные геномные вклады от неандертальцев и денисовцев. У многих животных и растений границы между видами оказываются

гораздо более проницаемыми, чем предполагалось в классической системной концепции популяций.

Современная геномика не подтверждает «генетический мономорфизм» в буквальном виде, но одновременно во многом подтвердили более общую идею Ю. П. Алтухова о том, что эволюционно успешные популяции поддерживают не максимальную, а структурно организованную и функционально оптимальную генетическую изменчивость.

Эти и другие вопросы планируется обсудить более детально с использованием примеров и современных данных в предлагаемом докладе.

Список литературы

1. Altukhov Y.P. Biochemical population genetics and speciation // Evolution. 1982. Vol. 36, No. 6. P. 1168-1181. https://doi.org/10.2307/2408151
2. Altukhov Y.P. Two kinds of genetic variability and the problem of speciation // Evolution. 1985. Vol. 9, No. 1. P. 223-226. https://doi.org/10.2307/2408536P. 223-226
3. Алтухов Ю.П., Рычков Ю.Г. Генетический мономорфизм видов и его возможное биологическое значение. // Журнал общей биологии. 1972. Т. 33. № 3. С. 281-300.
4. Ellegren H., Galtier N. Determinants of genetic diversity // Nat. Rev. Genet. 2016. Vol. 17. P. 422-433. https://doi.org/10.1038/nrg.2016.58
5. Wagner G.P., Booth G., Bagheri-Chaichian H. A population genetic theory of canalization // Evolution. 1997. Vol. 51. Issue 2. P. 329–347. https://doi.org/10.1111/j.1558-5646.1997.tb02420.x

Информация об авторе:
Крутовский Константин Валерьевич, ORCID ID 0000-0002-8819-7084

DOI: 10.48612/altuhov/2026_01-01

Динамика внутривидового полиморфизма севрюги *Acipenser stellatus* (Pallas, 1771) Азовского моря на основании микросателлитных маркеров

Алимова А.Ш.[1,2]*, Усатов А.В.[2], Небесихина Н.А.[1]
[1]*Южный филиал ГНЦ РФ ФГБНУ «ВНИРО» («Южный»), Ростов-на-Дону, Россия*
[2]*Академия биологии и медицины им. Д.И. Ивановского ЮФУ (ФГАОУ ВО "АБиМ ЮФУ"), Ростов-на-Дону, Россия*
** e-mail: alimovaash@azniirkh.vniro.ru*

Dynamics of intraspecific polymorphism in stellate sturgeon *Acipenser stellatus* (Pallas, 1771) from the Sea of Azov based on microsatellite markers

Alimova A.Sh.[1,2]*, Usatov A.V.[2], Nebesikhina N.A.[1]
[1]*Southern branch of VNIRO («Southern»), Rostov-on-Don, Russia*
[2]*D.I. Ivanovsky Academy of Biology and Medicine of Southern Federal University, («AB&M SFEDU), Rostov-on-Don, Russia*
** e-mail: alimovaash@azniirkh.vniro.ru*

Резюме. Сравнительный анализ микросателлитных данных севрюги Азовского моря показал, что за 20 лет использования ремонтно-маточных стад критического снижения уровня генетической изменчивости не зафиксировано. Однако в выборке искусственного происхождения выявлена тенденция к дефициту гетерозигот по сравнению с особями естественного происхождения (Ho = 0,747 < 0,769). Кроме того, обнаружена утрата редких аллельных вариантов в локусах *AoxD161* (142 п.н.) и *AoxD165* (172 п.н.). Полученные результаты указывают на ранние признаки изменений генетической структуры искусственно воспроизводимой популяции и подчеркивают необходимость дальнейшего мониторинга генетического разнообразия.
Ключевые слова: севрюга (*Acipenser stellatus)*, микросателлитный анализ, аллель, полиморфизм, гетерозиготность.

Abstract. Comparative analysis of microsatellite data from stellate sturgeon (*Acipenser stellatus*) of the Azov Sea showed that over 20 years of broodstock use, no critical decline in the level of genetic variability was detected. However, the artificially reproduced sample exhibited a tendency toward heterozygote deficiency compared to naturally originating individuals (Ho = 0.747 < 0.769). In addition, a loss of rare allelic variants was identified at loci *AoxD161* (142 bp) and *AoxD165* (172 bp). The results indicate early signs of changes in the genetic structure of the artificially reproduced population and emphasize the need for continued monitoring of genetic diversity.
Keywords: stellate sturgeon, microsatellite analysis, allele, polymorphism, heterozygosity.

Севрюга *Acipenser stellatus* (Pallas, 1771) — ранее широко распространенный аборигенный вид осетровых рыб Азово-Черноморского бассейна, исторически обладающий высокой хозяйственной значимостью. В связи с катастрофическим снижением численности, обусловленным антропогенной нагрузкой (интенсивным промысловым изъятием, зарегулированием нерестовых рек, обширным ННН-промыслом), севрюга была включена в Красный список МСОП (IUCN Red List), как вид, находящийся под угрозой исчезновения.

В настоящее время, вследствие нарушения анадромных миграций производителей, поддержание численности севрюги в природных популяциях осуществляется исключительно за счет искусственного воспроизводства на осетровых рыбоводных

заводах. Однако формирование ремонтно-маточных стад (РМС) севрюги в течение длительного времени осуществлялось стихийно, без комплексного научного сопровождения, что привело к снижению репродуктивного потенциала производителей. Более того, использование ограниченного числа особей при формировании РМС могло способствовать развитию эффекта основателя и усилению генетического дрейфа, следствием которых являются изменение частот аллелей, снижение генетического разнообразия и обеднение генофонда искусственно воспроизводимой популяции.

В этой связи особую актуальность приобретает исследование динамики внутривидового генетического полиморфизма севрюги и оценка изменений генетической структуры вида в процессе перехода от естественного воспроизводства к искусственному.

Материалом исследования служили две выборки севрюги: I − выборка представлена особями естественного происхождения (n=250), выловленными в период нерестовых миграций в 1999–2003 гг.; II – выборка включала особей искусственного происхождения (n=219), выращенных в заводских условиях от икры на осетровых рыбоводных заводах в период 2020–2024 гг. В качестве образцов генетического материала использовали фрагменты плавниковой каймы. Геномную ДНК выделяли методом солевой экстракции с дополнительной очисткой хлороформом. Анализ внутривидового генетического полиморфизма осуществляли с использованием паттерна из пяти микросателлитных локусов (An20, AfuG41, AfuG51, AoxD161 и AoxD165), широко используемых для исследований генетической структуры популяций осетровых рыб.

Данные по результатам анализа микросателлитной изменчивости выборок естественного и искусственного происхождения представлены в Таблице. Во всех исследованных локусам был отмечен высокий уровень полиморфизма.

Таблица – Генетическая изменчивость севрюги Азово-Черноморского бассейна по 5 микросателлитным локусам

Выборки		***N***	***Na***	***Ne***	***I***	***Ho***	***He***	***uHe***	***F***
I	1999	50	44	5,372	1,807	0,768	0,761	0,769	-0,014
	2000	50	46	5,433	1,806	0,808	0,761	0,769	-0,062
	2001	50	42	4,719	1,707	0,736	0,736	0,743	0,004
	2002	50	46	5,466	1,831	0,768	0,774	0,782	0,017
	2003	50	46	5,226	1,786	0,764	0,761	0,769	0,007
	Ср. знач	-	**44,8**	**5,243**	**1,787**	**0,769**	**0,759**	**0,766**	**-0,010**
II	2020	45	36	4,697	1,688	0,718	0,772	0,781	0,071
	2021	19	35	4,120	1,569	0,747	0,713	0,735	-0,042
	2022	36	41	4,995	1,749	0,732	0,760	0,770	0,042
	2023	58	50	5,915	1,944	0,772	0,797	0,804	0,033
	2024	61	47	5,850	1,947	0,766	0,803	0,810	0,045
	Ср. знач	-	**41,8**	**5,115**	**1,779**	**0,747**	**0,769**	**0,780**	**0,030**

Примечание: N – размер выборки, Na – число аллелей, Ne – число эффективных аллелей, I –индекс Шеннона, Ho – наблюдаемая гетерозиготность, He – ожидаемая гетерозиготность, uHe – непредвиденная ожидаемая гетерозиготность, F – индекс фиксации

Среднее число аллелей в выборке I (44,8) было ниже относительно выборки II (41,8), аналогичная тенденция установлена и для эффективного числа аллелей *Ne* (5,243 и 5,115, соответственно). Значение индекса Шеннона I изменилось незначительно — с 1,787 до 1,779, что свидетельствует о сохранении общего уровня генетической изменчивости. Вероятно, выявленное сокращение аллельного разнообразия (*Na*, *Ne)* связано преимущественно с утратой редких аллелей, однако наиболее распространённые аллельные варианты сохранились в популяции. Кроме того, отмечено умеренное снижение показателя наблюдаемой гетерозиготности *Ho* с 0,769 до 0,747, что за двадцатипятилетний период составило 2,9%. Индекс фиксации *F* в выборке I был близок к нулю (-0,010), в выборке II его среднее значение увеличилось до 0,030. В совокупности, данная тенденция может свидетельствует о формировании слабого дефицита гетерозигот,

что характерно для популяций, испытывающих влияние эффекта основателя и генетического дрейфа вследствие использования ограниченного числа производителей при искусственном воспроизводстве.

Анализ частот встречаемости аллельных вариантов показал, что во всех исследованных локусах выявлено перераспределение среднечастотных аллелей без существенного изменения общей структуры аллелофонда. Однако в ряде случаев была отмечена утрата редких вариантов (аллель 142 п.н. в локусе AoxD161, аллель 172 п.н. в локусе AoxD165), а также снижение частот встречаемости ранее распространенных вариантов (аллель 205 и 213 п.н. в локусе AfuG41, аллель 284 в локусе AfuG51).

Таким образом, результаты сравнительного анализа микросателлитных данных показали, что за 20 лет эксплуатации РМС севрюги критического снижения уровня генетической изменчивости не произошло. Тем не менее, в выборке искусственного происхождения отмечена тенденция к снижению уровня гетерозиготности, сопровождающаяся утратой отдельных аллельных вариантов. Для анализа динамики генетического разнообразия и минимизации рисков инбридинга в долгосрочной перспективе критически важно продолжать генетический мониторинг на протяжении последующих поколений.

Список литературы

1. Барминцева А.Е., Мюге Н.С. Использование микросателлитных локусов для установления видовой принадлежности осетровых (Acipenseridae) и выявления особей гибридного происхождения // Генетика. 2013. Т. 49. № 9. С. 1093–1100. DOI: 10.7868/S0016675813090020.
2. Васев А.Б. и др. Результаты исследований азовских популяций осетровых рыб при осуществлении мониторинга промысла ставными орудиями лова у Кубанского побережья // Водные биоресурсы и среда обитания. 2023. Т. 6. № 4. С. 68–78.
3. Горбачева Л.Т. и др. К вопросу развития искусственного воспроизводства азовских осетровых в связи со 150-летием осетроводства России // Водные биоресурсы и среда обитания. 2020. Т. 3. № 4. С. 111–119.
4. Тимошкина Н.Н., Водолажский Д.И., Усатов А.В. Молекулярно-генетические маркеры в исследовании внутри- и межвидового полиморфизма осетровых рыб (Acipenseriformes) // Экологическая генетика. 2010. Т. 8. № 1. С. 12–24. DOI: 10.7868/S2072683X1001003X.

Информация об авторах:
Алимова Александра Шамилевна, ORCID ID 0000-0002-8081-4519
Усатов Александр Вячеславович, ORCID ID 0000-0003-0600-7927
Небесихина Наталья Алексеевна, ORCID ID 0000-0001-6592-9361

DOI: 10.48612/altuhov/2026_01-02

Инверсионный полиморфизм трех природных популяций малярийного комара *Anopheles messeae* в среднем течении Катуни

Алмаева Э.Р.[1], Хайдара М.К.[1], Артемов Г.Н.[1]*
[1]*Томский государственный университет, Томск, Россия*
**e-mail: glebartemov@mail.tsu.ru*

Inversion polymorphism of three natural populations of the malaria mosquito *Anopheles messeae* in the middle reaches of the Katun River

Almaeva E. R.[1], Haidara M. K.[1], Burlak V. A.[1], Artemov G. N.[1]*
[1]*Tomsk State University, Tomsk, Russia*
**e-mail: glebartemov@mail.tsu.ru*

Резюме. Проведен анализ видового состава и инверсионного полиморфизма малярийных комаров комплекса *Anopheles maculipennis* в трех местообитаниях среднего течения р. Катуни (Республика Алтай). Показано, что исследуемом районе обитают только *An. messeae* s.s., а межпопуляционные различия обусловлены частотами инверсий в 2R и 3R плечах хромосом.
Ключевые слова: хромосомные инверсии, инверсионный полиморфизм, *Anopheles*, *An. messeae*, Алтай

Abstract. An analysis of the species composition and inversion polymorphism of malaria mosquitoes of the *Anopheles maculipennis* complex was carried out in three localities of the middle reaches of the Katun River (Republic of Altai). It was shown that only *An. messeae* s.s. inhabits the studied area, and interpopulation differences are determined by the frequencies of inversions in the 2R and 3R chromosome arms.
Keywords: chromosome inversions, inversion polymorphism, *Anopheles*, *An. messeae*, Altai

Понимание механизмов адаптации природных популяций к меняющимся условиям среды остается одной из фундаментальных задач популяционной генетики и эволюционной биологии. Хромосомные инверсии блокируют рекомбинацию, поддерживая сцепление коадаптированных аллелей генов. Инверсионный полиморфизм является одним из способов поддержания популяционного гомеостаза и распространен среди двукрылых насекомых [1]. Интересной моделью изучения адаптивного значения инверсий и инверсионного полиморфизма являются ландшафты с вертикальной поясностью. Межпопуляционные различия в таких районах скорее определяются градиентом условий внешней среды, и в меньшей степенью связаны с происхождением и изоляцией популяций. Малярийные комары *Anopheles* – переносчики возбудителя малярии человека – традиционно используются для изучения инверсионного полиморфизма популяций. В России широко распространены малярийные комары комплекса близкородственных видов *Anopheles maculipennis*. Из 11 видов комплекса наибольшее распространение в северной Евразии имеют *An. messeae* и *An. daciae* – виды-двойники, которых разделяют по двум конститутивным однонуклеотидным вариациям в последовательности ITS2. Эти виды имеют различия в составе полиморфных инверсий и в инверсионном полиморфизме популяций [2], морфометрических характеристиках крыльев [3], рисунке хориона [4], а также экологии и поведении [5]. *An. messeae* и *An. daciae* образуют широкую зону симпатрии и обитают отдельно на северо-востоке (*An. messeae*) и юго-западе (*An. daciae*; [2]). Алтайская горная страна почти не изучена в

отношении видового разнообразия малярийных комаров и инверсионного полиморфизма популяций. Относительно надежные маркеры видовой разделения *An. messeae* и *An. daciae* появились недавно и данные о видовом составе Алтая требуют ревизии. Целью работы было изучить видовой состав и инверсионный полиморфизм малярийных комаров трех природных популяций среднего течения Катуни.

Выборки были взяты в оз. Теньгинское (близ с. Озерное, Онгудайского района, 50°55'38" с. ш., 85°33'57" в. д., 1100 м над ур. м., 20.08.2020) и постоянных водоемах в с. Баштала (Усть-Коксинский район, 50°17'07" с. ш., 85°39'47" в. д., 1000 м над ур. м., 20.08.2020) и с. Онгудай (50°44'35" с. ш. 86°09'10" в. д., 850 м над ур. м., 22.08.2020). Личинок IV возраста фиксировали в растворе Карнуа (3 части этанола и 1 часть уксусной кислоты); готовили давленные лактоацетоорсеиновые препараты политенных хромосом клеток слюнных желез [6]. Материал перефиксировали в 80% этаноле и выделяли геномную ДНК выделяли фенол-хлороформным методом или в буфере STE. Идентификацию видов проводили по 412 нуклеотиду ITS2 с использованием недавно разработанной аллельспецифичной TaqMan-системы (Haidara et al., в печати) и подтверждали ПЦР-ПДРФ методом [7]. Инверсионные кариотипы определяли по стандартным хромосомным картам. Статистический анализ проводили с помощью инструментов программы GenoDive 3.06.

Видовая идентификация 156 особей (48 из оз. Теньгинское, 48 из с. Онгудай и 60 из с. Баштала) показала, что все изученные комары принадлежат *An. messeae*; *An. daciae* или «гибридные» генотипы найдены не были. Были проанализированы кариотипы 275 личинок (Таблица).

Таблица 1 – Частоты инверсионных генотипов *An. messeae*

Инверсионные генотипы	Частоты инверсионных генотипов *f*±*m*, %		
	оз. Теньгинское	с. Баштала	с. Онгудай
X0	2,68±1,53	0	0
X1	33,93±4,47	24,35±4,00	25,00±6,25
X2	4,46±1,95	2,61±1,49	6,25±3,49
X00	0	0	0
X01	3,57±1,75	0	4,16±2,89
X11	46,43±4,71	60,87±4,55	45,83±7,20
X12	7,14±2,43	11,3±2,95	18,75±5,64
X22	1,79±1,25	0,87±0,87	0
2R00	38,39±4,6	71,3±4,22	62,5±6,98
2R01	41,96±4,66	27,83±4,18	31,25±6,69
2R11	19,64±3,75	0,87±0,87	6,25±3,49
3R00	13,39±3,22	40,87±4,58	14,58±5,09
3R01	54,46±4,71	35,65±4,47	50±7,22
3R11	32,14±4,41	23,48±3,95	35,42±6,9
3L00	75,89±4,04	91,3±2,63	79,17±5,86
3L01	24,11±4,04	8,7±2,63	20,83±5,86
3L11	0	0	0
Всего (самцов/самок)	112 (46/66)	115 (31/84)	48 (15/33)

Были обнаружены широко распространенные в популяциях *An. messeae* инверсионные варианты X1 и X2, 2R0 и 2R1, 3R0 и 3R1, 3L0 и 3L1. Редкий для этого вида вариант X0 встречался с частотой 3,47 % в объединенной выборке, что может свидетельствовать о независимом происхождении этого варианта в алтайских популяциях

An. messeae. Во всех популяциях доминировали инверсионные варианты X1, 2R0 и 3L0, тогда как вариант 3R0 преобладал в Баштале, а в оз. Теньгинском и Онгудае – 3R1. В популяции Башталы обнаружен дефицит гетерозиготных генотипов по инверсии 3R1 (F_{IS}=0,269, p=0,005), тогда как в остальных популяциях частоты генотипов соответствовали ожидаемым по Харди-Вайнбергу.

Попарное сравнение показало, что наибольшая генетическая дифференциация наблюдается между популяциями Башталы и Теньгинского (F_{ST}=0,078; p=0,001) и Башталы и Онгудая (F_{ST}=0,037; p=0,001) и наименьшая – между Теньгинским и Онгудаем (F_{ST}=0,019; p=0,009). Изменчивость в 2R плече (F_{ST}=0,106; p=0,001) вносит наиболее существенный вклад в межпопуляционную дифференциацию, чем 3R (F_{ST}=0,046; p=0,001) и 3L (F_{ST}=0,021; p=0,004). Тогда как по инверсиям в X хромосоме различия между популяциями были не значимы (F_{ST}=0,05; p=0,848). Несмотря на то, что популяции Теньгинского и Онгудая являются смежными, а Баштала находится дальше и частично изолирована Теректинским хребтом, тест Мантеля не выявил связи генетической дифференциации с расстоянием между популяциями и высотой над уровнем моря. RDA показал, что наблюдаемые межпопуляционные различия могут быть связаны с тем, что все три популяции находятся в различных климатических зонах по классификации Коппен-Гейгера: так Баштала находится в зоне влажного континентального климата с жарким летом (Dfa), охватывающей Уймонскую степь, а оз. Теньгинское – зоне умеренно теплого климата с сухой зимой и теплым летом (Cwb) и с. Онгудай – зоне контнентального климата с сухой зимой и жарким летом (Dwa). Для подтверждения этой гипотезы необходимо проанализировать несколько выборок комаров Уймонской степи. Таким образом в ходе настоящего исследования были показаны значимые различия в частотах инверсионных вариантов в 2R и 3R в популяциях среднего течения Катуни, то может быть связано с адаптивным значением инверсий и инверсионного полиморфизма.

Список литературы

1. Стегний В.Н. Популяционная генетика и эволюция малярийных комаров. Томск: Издательский Дом Томского государственного университета, 1991. 137 с.
2. Brusentsov I. I., Gordeev M. I., Yurchenko A. A. et al. Patterns of genetic differentiation imply distinct phylogeographic history of the mosquito species Anopheles messeae and Anopheles daciae in Eurasia // Molecular Ecology. 2023. Т. 32. № 20. С. 5609–5625. DOI: 10.1111/mec.17127
3. Calderon X., Artemov G., Burlak V.A., Alexeeva S., Hernández-P R., Suazo M.J., Pérez L.M., Benítez H.A., Correa M. Unraveling Wing Shape Variation in Malaria Mosquitoes from the Arctic Edge: A Geometric Morphometric Study in Western Siberia // Animals (Basel). 2025. Т. 15. № 20. С. 2949. DOI: 10.3390/ani15202949
4. Nicolescu G., Linton Y. M., Vladimirescu A., Howard T. M., Harbach, R. E. Mosquitoes of the Anopheles maculipennis group (Diptera: Culicidae) in Romania, with the discovery and formal recognition of a new species based on molecular and morphological evidence // Bulletin of Entomological Research, 2004. V. N. 6. P 525–535. DOI: 10.1079/ber2004330
5. Novikov Yu.M., Shevchenko A.I. Cryptic species of Anopheles messeae sensu lato (Diptera: Culicidae), their identification, features and nomenclature // Вестн. Том. гос. ун-та. Биология. 2020. № 51. С. 69–85. doi: 10.17223/19988591/51/4
6. Кабанова В.М., Карташова Н.Н., Стегний В.Н. Кариологическое исследование при- родных популяций малярийного комара в Среднем Приобье. I. Характеристика кариотипа Anopheles maculipennis messeae // Цитология. 1972. Т. 14, No 5. С. 613–636.
7. Artemov G. N., Fedorova V. S., Karagodin D. A. et al. New Cytogenetic Photomap and Molecular Diagnostics for the Cryptic Species of the Malaria Mosquitoes Anopheles messeae and Anopheles daciae from Eurasia // Insects. 2021. Т. 12. № 9. С. 835. DOI: 10.3390/insects12090835

Артемов Глеб Николаевич ORCID 0000-0001-7803-8066,
Хайдара Мохамед Кадер ORCID 0000-0003-0190-8160.

DOI: 10.48612/altuhov/2026_01-03

Популяционная история черного коршуна Палеарктики

Андреенкова Н.Г.[1]*, Карякин И.В.[2]

[1]Институт молекулярной и клеточной биологии СО РАН, Новосибирск, Россия,

[2]Российская сеть изучения и охраны пернатых хищников; ООО «Сибэкоцентр», Новосибирск, Россия

**e-mail: anata@mcb.nsc.ru*

Population history of the Palearctic Black Kite

Andreyenkova N.G.[1]*, Karyakin I.V.[2]

[1]Institute of Molecular and Cellular Biology SB RAS, Novosibirsk, Russia

[2]Russian Raptor Research and Conservation Network; LLC Sibecocenter, Novosibirsk, Russia

**e-mail: anata@mcb.nsc.ru*

Резюме. Черный коршун *Milvus migrans* демонстрирует сложную популяционную структуру, когда северные перелетные популяции зимуют в гнездовом ареале южных. Используя методы популяционной генетики, мы исследовали филогенетические отношения мигрирующих и оседлых популяций, а также изменение их ареалов в результате глобального снижения численности вида во второй половине XX века.

Ключевые слова: Milvus migrans lineatus, экспансия, расселение, мигрирующие популяции, оседлые популяции, геногеография, филогения

Abstract. The Black Kite *Milvus migrans* exhibits a complex population structure, with northern migratory populations wintering in the breeding range of southern ones. Using population genetics methods, we investigated the phylogenetic relationships of migratory and sedentary populations, as well as changes in their ranges as a result of the global decline of the species in the second half of the 20th century.

Keywords: Milvus migrans lineatus, expansion, dispersal, migratory populations, sedentary populations, genogeography, phylogeny

Черный коршун *Milvus migrans* – это широко распространенный хищник с ареалом, включающим большую часть Евразии. На севере ареала обитают популяции сезонных мигрантов, которые ежегодно перемещаются к местам зимовок, где в свою очередь обитают оседлые популяции того же вида. В восточной части ареала и те и другие принадлежат к одному подвиду и внешне неразличимы, что создает очевидные сложности для анализа эко-географической структуры вида в южных регионах. Кроме того, падение численности черного коршуна во второй половине XX века в Европе и Юго-Восточной Азии привело к глобальному перераспределению популяций, которое не завершилось до сих пор. Популяция восточного подвида *M. m. lineatus* из Западной Сибири активно продвигается на запад, смешиваясь с европейским подвидом *M. m. migrans.* Одновременно, популяции *M. m. lineatus* из северо-восточной части ареала, по-видимому, заселяют все более южные территории.

Чтобы разобраться в происходящем, мы используем методы популяционной генетики, анализируя последовательности фрагментов ядерных и митохондриальных генов у представителей разных популяций. Митохондриальные гены позволили разделить три основных подвида черного коршуна Евразии: европейский *M. m.* migrans, азиатский *M. m. lineatus* и индо-малайский *M. m.govinda.* При этом оказалось, что зона интерградации *M. m. migrans* и *M. m. lineatus* в Западной Сибири обладает в числе прочих особой группой гаплотипов *M. m. lineatus*, которая не встречается в ареале чистого *M. m.*

lineatus на востоке материка. Это косвенно подтверждает ранее выдвинутое предположение, что западно-сибирская популяция появилась задолго до современной экспансии *M. m. lineatus* и устойчиво существовала, возможно, еще в Плейстоцене.

Используя информацию о встречах черного коршуна из публичных баз данных, мы смогли уточнить современный гнездовой ареал мигрирующих и оседлых популяций этого вида в Азии. На основе этих данных мы предполагаем, что мигрирующие популяции подвида *M. m. lineatus* в северо-восточных и северных провинциях Китая принадлежат к той же макропопуляции, что и коршуны Монголии и Дальнего Востока России. При этом оседлые коршуны того же подвида в Китае распространялись независимо и, возможно, имеют общее происхождение с оседлыми популяциями Корейского полуострова и Японии. Генетического материала из популяций Восточной Азии практически нет, поэтому проверить это предположение еще предстоит.

В то же время мы обнаружили следы недавней экспансии мигрирующей популяции на острове Тайвань. Здесь в начале XX века был описан оседлый островной подвид черного коршуна *M. m. formosanus*, однако в настоящее время встречаются все основные митохондриальные гаплогруппы *M. m. lineatus* северной Палеарктики при очень низкой вариабельности ядерных локусов. Вероятно, остров совсем недавно был заселен представителями материковой популяции, которая в свою очередь распространилась с севера после падения численности местных оседлых коршунов на юге Китая и на Тайване.

Оседлая популяция Японии, которая демонстрирует минимальную вариабельность митохондриальных гаплотипов, показала более высокое генетическое разнообразие по ядерным последовательностям, сравнимое с разнообразием популяции всей северной Азии. Возможно, эта популяция не так молода, как предполагалась ранее, и существует обмен генами между японской и корейской популяциями. Генетические данные не подтверждают предположение об обмене особями между популяциями Японии и Дальнего Востока России, однако свидетельствует, что черные коршуны на Курильских островах и острове Сахалин, происходят, скорее всего, из японской популяции.

Информация об авторах:
Андреенкова Наталья Григорьевна, ORCID ID 0000-0002-5981-8857
Карякин Игорь Вячеславович, ORCID ID 0000-0002-4543-1870

DOI: 10.48612/altuhov/2026_01-04

Идентификация генетических вариантов, ассоциированных с повышенной плодовитостью у фермерских соболей (*Martes zibellina*)

Аракелян Н.А.[1], Манахов А.Д.[1,2], Каштанов С.Н.[2], Рогаев Е.И.[1,3]*

[1]*Центр генетики и наук о жизни, Университет науки и технологий «Сириус», Сириус, Россия*

[2]*Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова РАН, Москва, Россия*

[3]*Кафедра психиатрии, Медицинская школа UMass Chan, Вустер, Массачусетс, США*

**e-mail:* evivrecc@gmail.com

Identification of genetic variants associated with increased fertility in farmed sables (*Martes zibellina*)

Arakelyan N.A.[1], Manakhov A.D.[1,2], Kashtanov S.N.[2], Rogaev E.I.[1,3]*

[1]*Center for Genetics and Life Sciences, Sirius University of Science and Technology, Sirius, Russia*

[2]*Vavilov Institute of General Genetics, Russian Academy of Sciences, Moscow, Russia*

[3]*Department of Psychiatry, UMass Chan Medical School, Worcester, Massachusetts, USA*

**e-mail:* evivrecc@gmail.com

Резюме. У соболя репродуктивные показатели существенно варьируют как между дикими и фермерскими животными, так и внутри фермерских популяций. В работе проведён полногеномный анализ восьми уникальных высокопродуктивных фермерских соболей и контрольных выборок фермерских и диких животных. Выявлены кандидатные геномные регионы и функционально значимые варианты, потенциально связанные с регуляцией репродуктивной функции.

Ключевые слова: соболь, *Martes zibellina*, плодовитость, репродуктивное долголетие, полногеномное секвенирование, генетические варианты

Abstract. Reproductive traits in the sable vary substantially both between wild and farmed animals and within farmed populations. Here, whole-genome analysis was performed for eight highly productive farmed sables and control groups of farmed and wild animals. Candidate genomic regions and functionally significant variants potentially associated with the regulation of reproductive function were identified.

Keywords: sable, *Martes zibellina*, fertility, reproductive longevity, whole-genome sequencing, genetic variants

У соболя (*Martes zibellina*) репродуктивные показатели существенно варьируют как между дикими и фермерскими животными, так и внутри фермерских популяций [1–3]. Особый интерес представляют самки, сочетающие повышенную плодовитость с сохранением репродуктивной функции в более позднем возрасте. Геномные механизмы, лежащие в основе такого фенотипа, остаются недостаточно изученными. Целью исследование было выявление генов и генетических вариантов, потенциально связанных с повышенной плодовитостью и продолжительным репродуктивным периодом у соболей.

В работе были использованы данные полногеномного секвенирования восьми высокопродуктивных соболей с уникальными репродуктивными характеристиками, полученные на платформе NovaSeq 6000 (Illumina). Среднее покрытие секвенирования составило 24×. Контрольные выборки фермерских и диких соболей были секвенированы ранее на той же платформе. Популяционную структуру оценивали с использованием PCA и ADMIXTURE на наборе геномных SNP. Для выявления сигналов отбора применяли

подход скользящего окна размером 50 т.п.н. с шагом 25 т.п.н. с расчётом индекса фиксации Fst и отношения нуклеотидного разнообразия θπ между группами с помощью vcftools. Кандидатными считали геномные окна, попавшие в верхние 5% распределений Z(Fst) и log2(θπ ratio). Аннотацию кандидатных регионов проводили с учётом референсной аннотации генома и соответствия ортологическим генам человека. Однонуклеотидные варианты (SNVs) и короткие инделы были идентифицированы с использованием GATK v4.2.2.0. Функциональную аннотацию вариантов проводили с помощью snpEff v5.0e на основе аннотации референсного генома *Martes zibellina*.

Сравнение группы высокопродуктивных соболей с контрольными фермерскими и дикими животными позволило выявить кандидатные геномные регионы под отбором, а также функционально значимые генетические варианты. Аннотированные регионы и варианты затрагивали гены, связанные с регуляцией репродуктивной функции, включая овуляцию, имплантацию эмбриона, поддержание функции гонад и нейроэндокринную регуляцию репродукции. Полученные результаты указывают на то, что повышенная плодовитость у фермерских соболей может быть связана с отдельными геномными регионами и вариантами в генах, участвующих в регуляции репродуктивной системы. Выявленные кандидатные участки представляют интерес для дальнейшей функциональной валидации, расширения выборки и поиска молекулярных маркеров плодовитости у соболя.

Результаты получены при финансовой поддержке исследования, реализуемого в рамках государственной программы федеральной территории «Сириус» «Научно-технологическое развитие федеральной территории «Сириус» (Соглашение № 18-03 от 10.09.2024).

Список литературы

1. Терновская Ю.Г. Особенности биологии соболя // Проблемы соболиного хозяйства России: сборник материалов V Всероссийской научно-практической конференции (Киров, апрель–декабрь 2005 г.). Киров: ВНИИОЗ, РАСХН, 2006. С. 234–239.
2. Каштанов С.Н., Лазебный О.Е., Бекетов С.В., Имашева А.Г. Влияние искусственного направленного отбора по признаку окраски меха на приспособленность промышленной популяции соболя *Martes zibellina* L. // Генетика. 2008. Т. 44. № 6. С. 835–840.
3. Свищёва Г.Р., Каштанов С.Н. Репродуктивная стратегия соболя (*Martes zibellina* Linnaeus, 1758): анализ наследования размера помета в клеточных популяциях // Информационный вестник ВОГиС. 2010. Т. 14. № 3. С. 444–451.

Информация об авторах:
Аракелян Нелли Арамовна, ORCID ID 0009-0004-2726-9576
Манахов Андрей Дмитриевич, ORCID ID 0000-0002-5163-8747
Каштанов Сергей Ниолаевич, ORCID ID 0000-0003-4256-8510
Рогаев Евгений Иванович, ORCID ID 0000-0002-0351-8783

DOI: 10.48612/altuhov/2026_01-05

Сравнение результатов NGS секвенирования и микросателлитного анализа в популяционном анализе осетровых видов рыб.

Барминцева А.Е.[1]*, Щербакова В.Д.[1], Мюге Н.С.[1,2]
[1]*ГНЦ РФ ФГБНУ «Всероссийский научно-исследовательский институт рыбного хозяйства и океанографии», Москва, Россия*
[2]*Институт биологии развития им. Н.К. Кольцова РАН, Москва, Россия*
**e-mail: barm@vniro.ru*

Comparison of the results of NGS and microsatellite analysis in population analysis of sturgeon fish species.

Barmintseva A E.[1], Shcherbakova V.D.[1], Mugue N.S.[1,2]*
[1]*Russian Federal Research Institute of Fisheries and Oceanography (VNIRO), Moscow, Russia*
[2]*Koltzov Institute of Developmental Biology of Russian Academy of Sciences, Moscow, Russia*
** e-mail: barm@vniro.ru*

Резюме. Несмотря на очевидные преимущества геномных технологий, микросателлитный анализ продолжает широко использоваться благодаря относительно низкой стоимости, высокой сопоставимости с результатами ранее выполненных исследований и возможности проведения анализа без применения сложных биоинформатических подходов. В настоящее время значительный объем накопленных популяционно-генетических данных по осетровым основан именно на микросателлитных маркерах, что делает актуальным вопрос сопоставимости результатов, полученных с использованием различных молекулярных инструментов.
Ключевые слова: секвенирование нового поколения (NGS), микросателлитные локусы, популяционная структура, осетровые рыбы, генетическое разнообразие.

Abstract. Despite the obvious advantages of genomic technologies, microsatellite analysis continues to be widely used due to its relatively low cost, high comparability with previous studies, and the ability to conduct analysis without complex bioinformatics approaches. Currently, a significant amount of accumulated population genetic data on sturgeons is based specifically on microsatellite markers, making the issue of comparability of results obtained using various molecular tools relevant.
Keywords: next-generation sequencing (NGS), microsatellite loci, population structure, sturgeons, genetic diversity.

Осетровые рыбы (Acipensiredae) относятся к числу наиболее уязвимых групп позвоночных, большинство представителей которых находится под угрозой исчезновения вследствие антропогенного воздействия, деградации нерестовых местообитаний, гидростроительства, браконьерства. В современных условиях сохранение генетического разнообразия природных популяций является одним из ключевых направлений программ по восстановлению численности осетровых и требует применения высокоинформативных молекулярно-генетических методов.

На протяжении последних десятилетий основным инструментом популяционно-генетических исследований осетровых являлся анализ микросателлитных локусов. Высокий уровень полиморфизма, кодоминантный характер наследования и относительная простота генотипирования сделали микросателлиты стандартным маркером для оценки генетического разнообразия, дифференциации популяций, идентификации производителей, анализа родства и мониторинга искусственного воспроизводства. Вместе

с тем, использование ограниченного числа локусов существенно снижает разрешающую способность метода при исследовании слабо дифференцированных популяций, оценке сложных демографических процессов и выявлении адаптивной изменчивости. Для осетровых эти ограничения особенно актуальны вследствие сложной эволюционной истории семейства, высокого уровня межвидовой гибридизации, а также полиплоидного происхождения геномов, что осложняет интерпретацию генетических данных.

Развитие технологий высокопроизводительного секвенирования привело к широкому внедрению полногеномных подходов, основанных на анализе тысяч и миллионов однонуклеотидных полиморфизмов (SNP). В отличие от микросателлитного анализа, геномные методы обеспечивают значительно более высокое разрешение при изучении популяционной структуры, позволяют детально оценивать уровень генетического разнообразия, реконструировать историю популяций, выявлять миграционные процессы, обнаруживать сигналы естественного отбора и оценивать вклад отдельных геномных регионов в формирование адаптивной изменчивости. Благодаря большому количеству независимых маркеров снижается влияние случайной изменчивости отдельных локусов, а оценки генетических параметров становятся более устойчивыми и воспроизводимыми.

Несмотря на очевидные преимущества геномных технологий, микросателлитный анализ продолжает широко использоваться благодаря относительно низкой стоимости, высокой сопоставимости с результатами ранее выполненных исследований и возможности проведения анализа в короткий срок и без применения сложных биоинформатических подходов. В настоящее время значительный объем накопленных популяционно-генетических данных по осетровым основан именно на микросателлитных маркерах, что делает актуальным вопрос сопоставимости результатов, полученных с использованием различных молекулярных инструментов.

Цель настоящей работы — провести сравнительный анализ результатов, полученных с использованием микросателлитных маркеров и NGS анализа, оценить степень их согласованности при характеристике генетического разнообразия и популяционной структуры исследуемых видов осетровых, а также определить возможности и ограничения каждого из подходов для решения задач современной популяционной генетики и природоохранной биологии.

Комплексное генетическое исследование популяционной структуры стерляди (*Acipenser ruthenus*) на всем ее обширном ареале было проведено нами в 2020 -2022 г.г. В анализе были использованы 14 различных микросателлитных локуса, контрольный регион митохондриальной ДНК, а также проведен ddRAD анализ.

Вопреки ожиданиям, что стерлядь, как вид, не обладающий длительными и продолжительными нерестовыми миграциями, имеет четкую дифференцированную структуру, соответствующую различным бассейнам рек, оказалось, что популяция стерляди рек волго-каспийского бассейна имеет панмиксную структуру. Определенные различия достоверно наблюдаются между волго-каспийской, азово-черноморской и беломорской (бассейн р. Северная Двина) популяциями стерляди. Наиболее четкая дифференциация наблюдается между европейскими и сибирскими (р. Обь, Енисей) популяциями. Методы STR и ddRAD показали сходную картину межпопуляционной дифференциации, Fst между парами различных популяций по ddRAD-анализу выше, так как в анализ попадает более широкий спектр генетической информации, что позволяет уловить даже слабые различия между популяциями, но тенденция - прямая зависимость от уровня дифференциации – сохраняется (Рисунок).

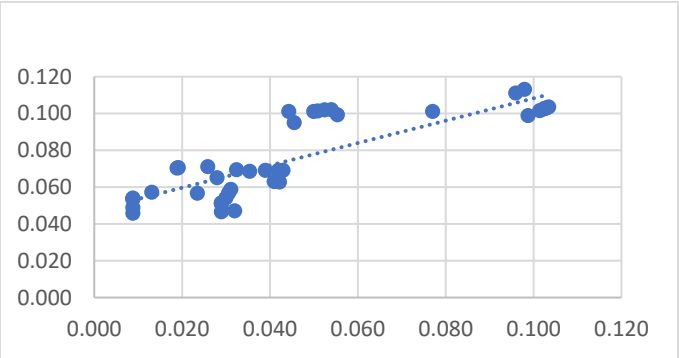


Рисунок – Попарные значения Fst при STR и ddRAD анализе 17 популяций стерляди.

Также было обнаружено, что некоторые особи, выловленные из реки Дунай, имеют волжское происхождение. Особенно четко это видно из результатов ddRAD-анализа. Причиной такого «волжского следа» в дунайской ихтиофауне, скорее всего, является искусственное воспроизводство естественной популяции, проведенное с нарушением отбора локальных производителей.

Такие комплексные исследования популяционной структуры были проведены на сибирском осетре, а также исследование межвидовой структуры русского и персидского осетра, которые на уровне митохондриальной ДНК и ряда микросателлитных локусов не показывают четкого деления на видовые кластеры, применение же полногеномногго анализа позволяет увеличить вероятность правильного происхождения особей данных генетически близких видов.

Сравнение данных микросателлитного и полногеномного анализа представляет особый интерес, поскольку позволяет определить степень согласованности оценок генетического разнообразия и популяционной структуры при исследовании осетровых видов, выявить преимущества и ограничения каждого подхода, а также оценить возможность использования традиционных микросателлитных маркеров в условиях широкого распространения геномных технологий. Такая сравнительная оценка имеет не только фундаментальное значение для понимания микроэволюционных процессов, но и непосредственное практическое применение при разработке программ сохранения генофонда, управлении искусственным воспроизводством, контроле происхождения производителей и формировании эффективных стратегий сохранения редких видов осетровых.

Информация об авторах:
Барминцева Анна Евгеньевна ORCID 0009-0005-5870-5454
Щербакова Виктория Дмитриевна ORCID 0009-0008-2468-4837
Мюге Николай Сергеевич ORCID 0000-0001-8957-1931

DOI: 10.48612/altuhov/2026_01-06

Митохондриальная изменчивость синантропных видов комаров *Aedes koreicus*, *Aedes togoi*, Aedes flavopictus и *Aedes sibiricus* (Diptera, Culicidae) Дальнего Востока России

Бега А.Г.[1,2], Андрианов Б.В.[2]*, Халин А.В.[3], Каган М.В.[2], Горячева И.И.[2], Гордеев М.И.[1,4], Москаев А.В.[1,4]

[1] Государственный университет просвещения, Москва, Россия

[2]Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова Российской академии наук, Москва, Россия

[3]Зоологический институт Российской академии наук, Санкт-Петербург, Россия

[4]Российский государственный университет народного хозяйства им. В.И. Вернадского, Московская область, Балашиха, Россия

**e-mail: andrianovb@mail.ru*

Mitochondrial polymorphism of sinantrop mosquito's species *Aedes koreicus*, *Aedes togoi*, *Aedes flavopictus* and *Aedes sibiricus* (Diptera, Culicidae) of the Far East of Russia

Bega A.G.[1,2], Andrianov B.V.[2]*, Khalin A.V.[3], Kagan M.V.[2], Goryacheva I.I.[2], Gordeev M.I.[3], Moskaev A.V.[1,4]

[1]Federal State University of Education, Moscow, 105005 Russia

[2]Vavilov Institute of General Genetics, Russian Academy of Sciences, Moscow, 119991 Russia.

[3]Zoological Institute of Russian Academy of Sciences, 199034, St. Petersburg, Russia

[4]Vernadsky Russian State University of National Economy, Balashiha, 143907 Russia

**e-mail: andrianovb@mail.ru*

Резюме. Охарактеризована популяционная изменчивость BOLD фрагмента митохондриального гена *CO*I у четырёх видов комаров рода *Aedes*, обитающих на юге Дальнего Востока России: *Aedes koreicus* Edwards, 1917, *Aedes togoi* Theobald 1907, *Aedes flavopictus* Yamada, 1921, *Aedes sibiricus* Danilov & Filippova, 1978. Популяционная изменчивость комаров *Aedes togoi* и *Aedes koreicus* Дальнего Востока России изучена впервые. Полученные данные выявили низкий уровень внутривидовой изменчивости *Aedes koreicus, Aedes flavopictus и Aedes sibiricus*, что подтверждает ранее высказанную гипотезу о синантропизации этих видов, тогда как *Aedes togoi*, сохраняет сложную популяционную структуру, характерную для диких видов.

Ключевые слова: инвазионные виды, синантропизация, кровососущие комары, переносчики трансмиссивных заболеваний, генетическая структура популяции, BOLD-фрагмент, *CO*I

Abstract. We characterized population variability of the BOLD fragment of the mitochondrial COI gene in four mosquito species of the genus *Aedes* inhabiting the southern Russian Far East: *Aedes koreicus* Edwards, 1917, Aedes togoi Theobald, 1907, *Aedes flavopictus* Yamada, 1921, and *Aedes sibiricus* Danilov & Filippova, 1978. We studied the population variability of the mosquito *Aedes togoi*, which inhabits the sea coasts of the Russian Far East, for the first time. The obtained data revealed a low level of population variability in *Aedes koreicus*, *Aedes flavopictus*, and *Aedes sibiricus*, confirming the previously proposed hypothesis of synanthropization of these species, while *Aedes togoi* retains the complex population structure characteristic of wild species.

Keywords: invasive species, synanthropization, mosquitoes, disease vectors, genetic population structure, BOLD fragment, *CO*I

За последние десятилетия особое внимание привлекли синантропные виды комаров, принадлежащие к роду *Aedes*. Некоторые из этих видов успешно внедряются в новые для них сообщества по всему миру, представляя угрозу для общественного здравоохранения из-за их потенциальной способности переносить возбудителей трансмиссивных заболеваний и воздействия на местную экосистему

В данной работе мы изучили изменчивость четырёх видов комаров рода *Aedes*, обитающих на юге Дальнего Востока России: *Ae. koreicus*, *Ae. togoi*, *Ae. flavopictus*, *Ae. sibiricus* на основе анализа BOLD фрагмента митохондриального гена *CO*I. Все новые последовательности зарегистрированы в GenBank с номерами: PZ458975 – PZ459028. Популяционная изменчивость этих видов на территории России изучена нами впервые. Данные виды рода *Aedes* выбраны нами по признаку массовой встречаемости на территории населённых пунктов и развития личинок в ёмкостях антропогенного происхождения, заполненных дождевой водой. Эти признаки указвают на синантропизацию этих видов и высокую вероятность формирования инвазионных популяций, способных к расширению ареала и внедрению в новые для вида сообщества.

Кладистичекий анализ выявляет единство митохондриального генофонда у видов *Ae. koreicus*, *Ae. flavopictus*, *Ae. sibiricus*, тогда как в случае комара *Ae. togoi*, наблюдается чёткая географическая подразделённость на две клады (Рисунок).

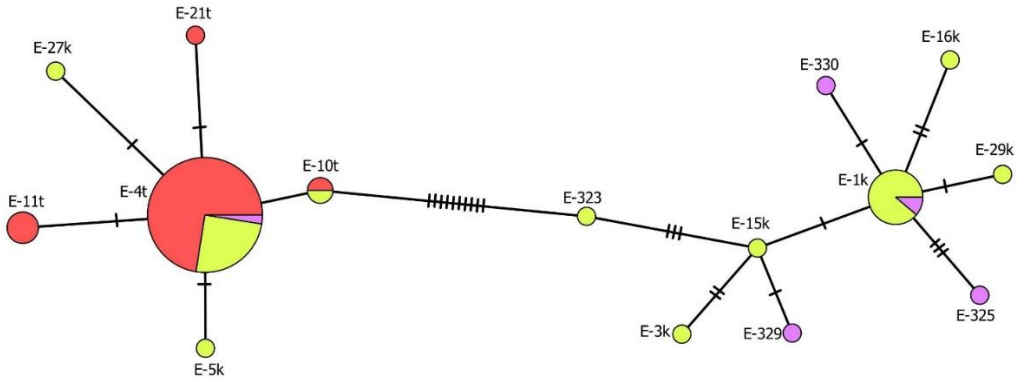


Рисунок – Медианная сеть построена на основании нуклеотидного полиморфизма фрагмента гена *CO*I *Ae. togoi* длиной 658 п. н. Гаплотипы соединены линиями. Минимальное число нуклеотидных замещений, необходимое для преобразования одного гаплотипа в другой, обозначено числом отрезков на соединяющих гаплотипы линиях. Размер кругов пропорционален числу синонимичных последовательностей для данного гаплотипа. Обозначения гаплотипов на медианной сети совпадают с обозначениями зарегистрированных в GenBank изолятов. Красным цветом выделены гаплотипы северной зоны, зелёным – гаплотипы, найденные в центре изучаемой зоны, и сиреневым – гаплотипы, идентифицированные на крайнем юге Дальнего Востока.

Среди описанных видов наибольшее практическое значение имеет *Ae. flavopictus*, как самый массовый полностью синантропный вид, потенциально способный выступать переносчиком арбовирусов человека. Особый интерес представляет изучение особенностей генома и микробиома *Ae. flavopictus*, отличающих этот вид от основного переносчика арбовирусных инфекций – комара *Ae. albopictus*.

Исследование выполнено за счет гранта Российского научного фонда (РНФ) № 25-24-00222, https://rscf.ru/project/25-24-00222/ «Структура видовых комплексов кровососущих комаров (Diptera: Culicidae) - потенциальных переносчиков возбудителей заболеваний человека, их географическое распределение и динамика локальных фаун на юге Дальнего Востока России». (The study was funded by the Russian Science Foundation grant (RSF) No. 25-24-00222, https://rscf.ru/project/25-24-00222/ "Structure of species complexes of blood-sucking mosquitoes (Diptera: Culicidae) - potential vectors of human pathogens, their geographical distribution and dynamics of local faunas in the southern Far East of Russia").

Информация об авторах:

Бега Анна Геннадьевна, ORCID ID 0000-0002-0011-7642
Андрианов Борис Витальевич, ORCID ID 0000-0002-0064-4696
Халин Алексей Владимирович, ORCID ID 0000-0002-0662-8857
Каган Михаил Владимирович, ORCID ID 0009-0001-8510-9333
Горячева Ирина Игоревна, ORCID ID 0000-0003-1913-5987
Гордеев Михаил Иванович, ORCID ID 0000-0001-9031-6655
Москаев Антон Вячеславович, ORCID ID 0000-0003-0592-3691

DOI: 10.48612/altuhov/2026_01-07

Эффект дрейфа генов в условиях длительного антропогенного давления на озерную популяцию палии *Salvelinus alpinus* (Linnaeus)

Бондарь Е.И.[1]*, Олейник А.Г.[1], Терентьев П.М.[2], Королева И.М.[2], Кухлевский А.Д.[1]
[1]Национальный научный центр морской биологии им. А.В. Жирмунского Дальневосточного отделения Российской академии наук, Владивосток, Россия
[2]Институт проблем промышленной экологии Севера Кольского научного центра Российской академии наук, Апатиты, Россия
**e-mail: jaja@list.ru*

The effect of genetic drift under long-term anthropogenic pressure on the lake population of charr *Salvelinus alpinus* (Linnaeus)

Bondar E.I.[1]*, Oleinik A.G.[1], Terentjev P.M.[2], Koroleva I.M.[2], Kukhlevsky A.D.[1]
[1]A.V. Zhirmunsky National Scientific Center of Marine Biology, Far Eastern Branch, Russian Academy of Sciences, Vladivostok, Russia
[2] Institute of the Industrial Ecology Problems of the North of the Kola Science Centre, the RAS, *Apatity, Russia*
**e-mail: jaja@list.ru*

Резюме. Оценены генетические характеристики популяции резидентных гольцов *Salvelinus alpinus alpinus* оз. Большой Вудъявр (Кольский п-ов), с использованием двух типов генетических маркеров. Полученные результаты показывают сложное взаимодействие дрейфа генов, миграционных процессов и исторических факторов в формировании генетической структуры изолированной популяции, подвергающейся техногенному воздействию, усиленному суровыми климатическими условиями.
Ключевые слова: Salvelinus alpinus alpinus, арктический голец, мтДНК, генетическая изменчивость, микросателлитные локусы, дрейф генов

Abstract. Genetic characteristics of a resident population of charr (*Salvelinus alpinus alpinus*) from Lake Bolshoy Vudyavr (Kola Peninsula) were assessed using two types of genetic markers. The results reveal a complex interplay of genetic drift, migration, and historical factors shaping the genetic structure of this isolated population, which is subjected to anthropogenic influence intensified by harsh climatic conditions.
Keywords: Salvelinus alpinus alpinus, Arctic charr, genetic variability, mtDNA, microsatellite loci, genetic drift

При анализе популяционной структуры следует разделять следы исторического дрейфа генов в результате глобальных климатических изменений и современное антропогенное воздействие на среду обитания. Усиливающееся антропогенное воздействие, особенно в арктических регионах, может привести к изменению структуры биологических сообществ вследствие колебания численности и видового состава

кормовых объектов или появления инвазивных видов, а также к быстрым изменениям абиотических условий [1].

Гольцы рода *Salvelinus*, обладающие высокой фенотипической пластичностью, в ходе эволюции активно используют разнообразные механизмы адаптации к нестабильным абиотическим условиям [2]. Жилые формы гольцов представляют собой идеальный объект для изучения влияния стохастических процессов на адаптационный потенциал вида, как в условиях исторических глобальных изменений [3], так и при кратковременных флуктуациях окружающей среды [4]. В этой связи особый интерес представляет изучение популяции арктического гольца (палии) *Salvelinus alpinus alpinus* (Linnaeus, 1758) из озера Большой Вудъявр (Кольский п-ов). По многим показателям оз. Большой Вудъявр может быть отнесено к сильно загрязненным, поскольку характеризуется высокими показателями минерализации, pH, биогенных компонентов, а также металлов, входящих в состав апатит-нефелиновой руды [5]. В озере отмечались периодические массовые заморы с 30-х годов и практически полное исчезновение рыбы в 2005-2008 годах.

Предположительно, высокая фенотипическая пластичность гольцов может приводить к снижению давления отбора и способствовать накоплению генетического разнообразия, что обеспечивает выживание и нивелирует действие дрейфа генов. Исходя из этого, целью настоящей работы было оценить влияние дрейфа генов на популяцию *S. alpinus alpinus* оз. Большой Вудъявр с использованием митохондриальной ДНК (мтДНК) и микросателлитных локусов ядерной ДНК. Нас также интересовали молекулярные оценки возможных источников колонизации гольцами водоемов Кольского полуострова.

Данные по изменчивости мтДНК свидетельствуют о том, что современная генетическая структура популяции представлена одним гаплотипом, относящимся к Атлантической линии *S. alpinus,* что может говорить как о длительной изоляции, так и о периодическом прохождении через «горлышко бутылки» [1]. Анализ 17 микросателлитных локусов также фиксирует следы исторического прохождения популяцией через «горлышко бутылки». Несмотря на это, некоторые особенности распределения генетической изменчивости микросателлитных локусов указывают на то, что дрейф не был единственным эволюционным процессом, ответственным за потерю генетического разнообразия. Вероятно, что сочетание мутаций и потока генов также внесло вклад в уникальную генетическую структуру исследованной популяции.

Полученные результаты анализа мтДНК и микросателлитных локусов палии из оз. Большой Вудъявр свидетельствуют о сложных процессах, участвующих в формировании генетической структуры *S. alpinus alpinus*. Для подтверждения выдвинутых гипотез требуется расширение исследования на систему озер Хибинского горного массива: Малый Вудъявр - Большой Вудъявр – Имандра. Хотя популяция оз. Большой Вудъявр генетически стабильна, данные свидетельствуют о ее уязвимости к дрейфу генов, что подчёркивает острую необходимость восстановления среды обитания для увеличения численности. В то же время новые данные указывают на то, что Атлантическая линия *S. alpinus* на Европейском Севере России имеет более сложную филогеографическую историю, чем простое расселение из одного приледникового рефугиума.

Работа выполнена в рамках Государственных заданий ННЦМБ ДВО РАН (тема № 124021900010-2), Института проблем промышленной экологии Севера Кольского научного центра РАН (тема № FMEZ-2025-0061).

Список литературы

1. Алтухов Ю.П. Генетические процессы в популяциях. М.: Академкнига, 2003, 431 с.

2. Махров А.А., Артамонова В.С. “Стабилизация нестабильности”: механизмы эволюционного стазиса и накопления генетического разнообразия у рыб и миног в нестабильных абиотических условиях среды // Сибирский экологический журнал. 2020. Т. 4. С. 463–478.
3. Jacobsen M.W., Jensen N.W., Nygaard R. et al. A melting pot in the Arctic: analysis of mitogenome variation in Arctic char (*Salvelinus alpinus*) reveals a 1000-km contact zone between highly divergent lineages // Ecol. Freshw. Fish. 2021. V. 32. № 2. P. 330–346. doi 10.1111/eff.12633
4. Олейник А.Г., Скурихина Л.А., Чукова Е.И. Влияние изоляции на генетические характеристики популяций гольцов рода *Salvelinus* // Генетика. 2007. Т. 43. № 9. С. 1209–1217.
5. Павлова А.С., Даувальтер В.А., Денисов Д.Б. и др. Распределение химических элементов между компонентами экосистем*ы* арктического озера Большой Вудъявр (Хибины, Мурманская область*)* // Сибирский экологический журнал. 2019. Т. 26. № 3. С. 348–366.

Информация об авторах:
Бондарь Евгения Игоревна, ORCID ID 0000-0001-7873-9372
Олейник Алла Геннадьевна, ORCID ID 0000-0003-4790-0578
Терентьев Петр Михайлович ORCID ID 0000-0002-6810-1823
Королева Ирина Михайловна ORCID ID 0000-0002-9747-8128
Кухлевский Андрей Данилович, ORCID ID 0000-0001-6408-1362

DOI: 10.48612/altuhov/2026_01-08

Генетическая изменчивость двух видов птиц-дуплогнёздников на вновь заселённых территориях экопарка «Начинание», Московской области

Вержбицкая-Змитрович С.В.[1]*, Белоконь М.М.[2], Горецкая М.Я.[1]
[1] Московский государственный университет им. М.В. Ломоносова, Москва, Россия
[2] Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова РАН, Москва, Россия
**e-mail: soverezha@gmail.com*

Genetic variability of two cavity-nesting bird species in newly colonized areas of the eco-park «Nachinanie», Moscow Region

Verzhbitskaya-Zmitrovich S.V.[1]*, Belokon M.M.[2], Goretskaia M.I.[1]
[1]*Lomonosov Moscow State University, Moscow, Russia*
[2]*Vavilov Institute of General Genetics Russian Academy of Sciences, Moscow, Russia*
**e-mail: soverezha@gmail.com*

Резюме. В работе исследована генетическая изменчивость популяций мухоловки-пеструшки *Ficedula hypoleuca* Pall. и большой синицы *Parus major* L., сформировавшихся на территории экопарка «Начинание» Московской области в процессе восстановления экосистемы после деградации лесного массива. Генотипирование 122 птенцов мухоловки-пеструшки и 59 птенцов большой синицы проводили с использованием микросателлитных локусов. Для исследованных популяций были рассчитаны основные показатели генетической изменчивости, а также определено соотношение полов птенцов. Показано, что соотношение самцов и самок не отличается от ожидаемого распределения 1:1 и соответствует значениям, характерным для естественных популяций обоих видов. Значения ожидаемой гетерозиготности оказались сопоставимы с данными, опубликованными для популяций мухоловки-пеструшки и большой синицы, обитающих в старовозрастных ненарушенных лесах. Полученные данные указывают на успешное формирование генетически стабильной популяции птиц-дуплогнёздников в условиях восстанавливающейся экосистемы.
Ключевые слова: большая синица, мухоловка-пеструшка, генетическая изменчивость, микросателлиты

Abstract. This study investigated the genetic variability of pied flycatcher *Ficedula hypoleuca* Pall. and great tit *Parus major* L. populations in the eco-park «Nachinanie», Moscow Region during ecosystem restoration after forest degradation. A total of 122 pied flycatcher nestlings and 59 great tit nestlings were genotyped using microsatellite markers. The main parameters of genetic variability were calculated, and offspring sex ratios were determined for both populations. The results showed that the sex ratio did not differ significantly from the expected 1:1 ratio and was consistent with values reported for natural populations of both species. Expected heterozygosity values were comparable to those published for long-established populations of pied flycatchers and great tits. These findings indicate the successful formation of genetically stable cavity-nesting bird populations within the restoring ecosystem.
Keywords: great tit *Parus major*, pied flycatcher *Ficedula hypoleuca*, genetic variability, microsatellites

Восстановление экопарка «Начинание», расположенного в Солнечногорском городском округе, Московской области, в прошлом пострадавшего от жука-короеда, началось в 2015 году: за практически 11 лет восстановительной деятельности удалось высадить несколько тысяч новых деревьев и воссоздать естественные ландшафты, что положительным образом сказалось на биологическом разнообразии экопарка. Дополнительным этапом восстановления стало размещение в 2017 году искусственных гнездовий. Сочетание восстановленного лесного массива и наличия мест для гнездования создало благоприятные условия для заселения территории экопарка птицами-дуплогнёздниками, в том числе мухоловкой-пеструшкой *Ficedula hypoleuca* Pall. и большой синицей *Parus major* L.

В связи с этим особый интерес представляет оценка параметров генетической изменчивости у сформировавшихся здесь популяций. Основной вопрос исследования заключается в том, отличаются ли показатели генетического разнообразия мухоловки-пеструшки и большой синицы на вновь освоенной территории экопарка «Начинание» от аналогичных показателей в популяциях в старовозрастных лесах.

Сбор материала проводили на территории экопарка «Начинание» в период с 21 мая по 4 июля 2025 года. В качестве биоматериала использовали кровь, взятую из плечевой вены птенцов. В ходе работы были получены образцы крови от 122 птенцов мухоловки-пеструшки из 18 выводков и 59 птенцов большой синицы из 7 выводков.

Для оценки уровней генетической изменчивости использовали ядерные микросателлитные локусы. Генотипирование птенцов мухоловки-пеструшки проводили по семи тетрануклиотидным микросателлитным локусам: *Fhy221*, *Fhy301*, *Fhy336*, *Fhy403*, *Fhy405*, *Fhy408* и *Fhy466.* Генотипирование птенцов большой синицы проводили по восьми микросателлитным локусам: динуклетидным *Pca9, Pca8*, *Pma1*, *Pma179, Pma196*, *POCC6*, и тетрануклеотидным *Pma71*, *Pma8.* Пол птенцов определяли, используя праймеры P2 и P8 к участку гена CHD.

На основании индивидуальных генотипов 122 птенцов мухоловки-пеструшки и 59 птенцов большой синицы в программе GenAlEx были рассчитаны частоты аллелей микросателлитных локусов и параметры генетической изменчивости исследуемых популяций (Таблица).

У птенцов мухоловки-пеструшки среднее число аллелей на локус составило 12,3 (от 8 до 17), среднее число эффективных аллелей на локус составило 7,3 (от 3,4 до 13,4), средняя ожидаемая гетерозиготность составила 0,832 (от 0,705 до 0,925), средний индекс фиксации равен -0,039 (от -0,116 до 0,062).

Таблица – Параметры генетической изменчивости популяций птенцов мухоловки-пеструшки *Ficedula hypoleuca* и большой синицы *Parus major*

Локус	N_A	N_E	H_O	H_E	F
Ficedula hypoleuca					
Fhy221	8	6,4	0,861	0,843	-0,021
Fhy301	12	3,4	0,787	0,705	-0,116
Fhy336	16	7,2	0,959	0,861	-0,114
Fhy403	15	10,8	0,934	0,907	-0,030
Fhy405	17	13,4	0,959	0,925	-0,037
Fhy408	9	4,2	0,713	0,760	0,062
Fhy466	9	5,7	0,836	0,825	-0,014
В среднем	12,3	7,3	0,864	0,832	-0,039
Ст. ошибка	±1,4	±1,4	±0,035	±0,030	±0,023
Parus major					
Pma1	7	5,9	0,847	0,830	-0,021
Pma71	5	2,9	0,661	0,659	-0,003
Pma86	7	4,3	0,881	0,770	-0,145
Pma179	5	2,6	0,695	0,609	-0,140
Pma196	12	6,3	0,881	0,841	-0,047
Pca8	10	4,7	0,932	0,794	-0,174
Pca9	4	2,5	0,695	0,600	-0,159
POCC6	14	10	0,932	0,900	-0,035
В среднем	8	4,9	0,816	0,751	-0,091
Ст. ошибка	±1,3	±0,9	±0,040	±0,040	±0,025

Примечание. N_A – число аллелей; N_E – число эффективных аллелей; H_O – наблюдаемая гетерозиготность; H_E – ожидаемая гетерозиготность; F – индекс фиксации.

У птенцов большой синицы среднее число аллелей на локус составило 8 (от 4 до 14), среднее число эффективных аллелей на локус составило 4,9 (от 2,5 до 10), средняя ожидаемая гетерозиготность составила 0,751 (от 0,600 до 0,900), средний индекс фиксации равен -0,091 (от -0,003 до -0,174). Полученные нами данные свидетельствуют о высоком генетическом разнообразии и равновесном соотношении генотипов в соответствии с равновесием Харди-Вайнберга в исследуемых популяциях мухоловки-пеструшки и большой синицы.

Соотношение полов у птенцов мухоловки-пеструшки и большой синицы в исследуемых популяциях значимо не отклонялось от распределения 1:1, что в будущем сможет обеспечить максимально эффективную численность популяций. Наши результаты соответствует данным, полученным в других работах [1, 2].

Для сравнения уровня генетической изменчивости был использован показатель ожидаемой гетерозиготности (H_E), поскольку он отражает общий уровень генетического разнообразия популяции и в меньшей степени зависит от объёма выборки и случайных колебаний числа гетерозигот. Согласно литературным данным, в популяциях мухоловки-пеструшки в старовозрастных лесах значение H_E по микросателлитным локусам варьирует от 0,760 до 0,826 [3, 4], тогда как у большой синицы данный показатель варьирует от 0,847 до 0,859 [5]. Полученные нами значения находятся в пределах диапазонов, характерных для популяций этих видов из малонарушенных более возрастных насаждений.

В экопарке «Начинание», заселение которого началось с установки искусственных гнездовий 9 лет назад, сформировались популяции мухоловки-пеструшки и большой синицы с уровнями генетического разнообразия, сопоставимыми с популяциями, проживающими на давно обжитых территориях. Высокая генетическая изменчивость

свидетельствует о воспроизведении естественной структуры популяции в условиях восстанавливающейся экосистемы.

Исследование выполнено в рамках государственного задания МГУ им. Ломоносова, темы 19-1-21. Авторы выражают благодарность руководству экопарка «Начинание» за финансирование генетического анализа, а также лично Роману Сергеевичу Жукову за помощь в процессе сбора материала.

Список литературы

1. Артемьев, А.В. и др. К вопросу о первичном соотношении полов у мухоловки-пеструшки (*Ficedula hypoleuca*) // Экология. – 2024. – № 2. – С. 112–122.
2. Ágh, N. et al. Does offspring sex ratio differ between urban and forest populations of great tits (*Parus major*)? // Biologia Futura. – 2020. – Vol. 71. – P. 99–108.
3. Lehtonen P.K. et al. Geographic patterns of genetic differentiation and plumage color variation are different in the pied flycatcher (*Ficedula hypoleuca*) // Molecular Ecology. 2009. Т. 18. № 21. С. 4463-4476. DOI: 10.1111/j.1365-294X.2009.04364.x
4. Grinkov V.G. et al. Diversity of social-genetic relationships in the socially monogamous pied flycatcher (*Ficedula hypoleuca*) breeding in Western Siberia // PeerJ. – 2018. – Vol. 6. – P. e6059. – DOI: 10.7717/peerj.6059.
5. Mihalik B. et al. Low genetic differentiation and symmetric migration between urban and forest populations of great tits // Biologia Futura. – 2025. – Vol. 76. – P. 371–381. – DOI: 10.1007/s42977-025-00259-1.

Информация об авторах:
Вержбицкая-Змитрович Софья Витальевна, ORCID ID 0009-0007-1963-5670
Белоконь Марьяна Михайловна, ORCID ID 0000-0003-1642-5225
Горецкая Мария Яковлевна, ORCID ID 0000-0001-8073-9769

DOI: 10.48612/altuhov/2026_01-09

Выявление *de novo* микросателлитных мутаций в первом поколении партеногенетических потомков *Darevskia armeniaca*

Гирнык А. Е.[1]*, Вергун А.А.[1,2]

[1]Институт биологии гена Российской академии наук, Москва, Россия

[2]Московский педагогический государственный университет, Москва, Россия

**e-mail: aegirnyk@mail.ru*

Detection *de novo* of microsatellite mutations in the first generation of parthenogenetic offspring of *Darevskia armeniaca*

Girnyk A.E.[1]*, Vergun A.A.[1,2]

[1]Institute of Gene Biology Russian Academy of Sciences, Moscow, Russia

[2]Moscow Pedagogical State University, Moscow, Russia

[*]e-mail: aegirnyk@mail.ru

Резюме. Настоящая работа посвящена выявлению и характеристике мутаций в гипервариабельном микросателлитных локусе Du47G семейных образцов ДНК партеновида *D. armeniaca*. По результатам генотипирования у потомков первого поколения в двух семьях были выявлены мутантные аллели с инсерцией или делецией тандемного повтора GATA, получены оценки по частоте мутирования локуса, а также идентифицированы одинаковые мутантные аллели у нескольких потомков одной семьи, что говорит об их возникновении на начальных этапах эмбриогенеза.

Ключевые слова: мутации, микросателлиты, партеногенез, генетическое разнообразие, генотипирование

Abstract. This study is focused on the identification and characterization of mutations in the hypervariable microsatellite locus Du47G in family DNA samples of the parthenogenetic species *D. armeniaca*. Genotyping of first-generation offspring from two families revealed mutant alleles characterized by insertions or deletions of the GATA tandem repeat, estimates of the locus mutation frequency, and identification of identical mutant alleles in several offspring of a single family, suggesting that they arose during the early stages of embryogenesis.
Keywords: mutations, microsatellites, parthenogenesis, genetic diversity, genotyping

Партеногенетические виды животных традиционно рассматриваются как эволюционные тупики из-за низкого уровня изменчивости в отсутствие рекомбинации и накопления вредных мутаций. Однако у ящериц рода *Darevskia* с клональным типом воспроизводства обнаруживается высокий уровень генотипического разнообразия, одним из возможных источников которого могут быть мутации в генетически нестабильных локусах генома. Наиболее простой и надежный способ оценки мутационного вклада в генетическую изменчивость заключается в прямом выявлении мутационных событий при генотипировании семейных образцов ДНК. Такие исследования проводились на разных объектах, например, на мышах [1], однако особый интерес они представляют на животных с клональной системой размножения. В настоящей работе была поставлена задача по выявлению возможных мутаций *de novo* на панели семейных образцов *D. armeniaca*, используя для генотипирования $(GATA)_n$-содержащий микросателлитный локус Du47G, который ранее на популяционной выборке *D. armeniaca* оказался высоко полиморфным [2].

ПЦР-анализ проводили на 149 образцах ДНК 38 семей, включая 111 потомков первого поколения из восьми популяций Армении (Кучак, Дилижан (Папанино), Сотк, Арич (Артик), Артаваз (Такярлу), Меградзор, Дилижан-Семеновский перевал и Степанаван). Продукты монолокусной ПЦР разделяли в 8%-ном полиакриламидном геле (ПААГ), а затем секвенировали. По данным генотипирования по локусу Du47G были обнаружены две семьи из популяции Арич, у которых видны различия в электрофоретической подвижности ПЦР-фрагментов между матерью и потомками. Для характеристики структуры выявленных аллелей локуса было проведено их полноразмерное секвенирование, на основе которого определены аллель-специфические маркеры (микросателлиты и SNPs в прилежащих к микросателлиту областях аллеля). При этом SNPs в участках, прилежащих к $(GATA)_n$-кластеру, имеют фиксированные позиции для всех аллелей, и их сочетания образуют гаплотипы A-G-T и T- C- A, видоспецифичные (т.е. наследуемые партеновидом от родительских видов) для каждого аллеля. Эти гаплотипы позволяют различить материнские аллели и идентифицировать их у потомков. В результате было выявлено три аллельных варианта – Du47G(arm)2, Du47G(arm)3, Du47G(arm)4 (Таблица).

Семья 1 из популяции Арич имеет аллель Du47G(arm)2 с гаплотипом A-G-T, одинаковый у материнской особи (M1) и у её потомков. Однако, другой материнский аллель (Du47G(arm)3) с гаплотипом T-C-A отличается от аллелей с тем же гаплотипом у всех четырех потомков, которые имеют мутантный аллель Du47G(arm)4. В семье 2 материнский аллель Du47G(arm)2 с гаплотипом A-G-T также был сходен с таковым аллелем у всех потомков, отличия были выявлены только по другому аллелю, с гаплотипом T-C-A: материнская особь (M2) имела аллель Du47G(arm)4, в то время как все потомки имели другой аллель – (Du47G(arm)3).

Таблица – Структурные различия аллелей микросателлитного локуса Du47G мутантных семей партеногенетического вида *D. armeniaca*

Семья	Аллель	Размер (п.н.)	Последовательность микросателлитного кластера	Гаплотип
Семья 1				
Мать (M1)	Du47G(arm)2*	184	5’ $(GATA)_9(GACA)_4(GATA)_2GAT(GATA)_2$ 3’	A-G-T
Потомки 1-4	Du47G(arm)2	184	5’ $(GATA)_9(GACA)_4(GATA)_2GAT(GATA)_2$ 3’	A-G-T
Мать (M1)	Du47G(arm)3	176	5’ $(GATA)_{11}(GACA)(GATA)GAT(GATA)_2$ 3’	T-C-A
Потомки 1-4	Du47G(arm)4	172	5’ $\mathbf{(GATA)_{10}}(GACA)(GATA)GAT(GATA)_2$ 3’	T-C-A
Семья 2				
Мать (M2)	Du47G(arm)2	184	5’ $(GATA)_9(GACA)_4(GATA)_2GAT(GATA)_2$ 3’	A-G-T
Потомки 1-4	Du47G(arm)2	184	5’ $(GATA)_9(GACA)_4(GATA)_2GAT(GATA)_2$ 3’	A-G-T
Мать (M2)	Du47G(arm)4	172	5’ $(GATA)_{10}(GACA)(GATA)GAT(GATA)_2$ 3’	T-C-A
Потомки 1-4	Du47G(arm)3	176	5’ $\mathbf{(GATA)_{11}}(GACA)(GATA)GAT(GATA)_2$ 3’	T-C-A

Примечание. *– Нумерация аллелей локуса Du47G для *D. armeniac*а дана как в статье [2].

Отличающиеся аллели в обеих семьях – Du47G(arm)3 и Du47G(arm)4 имеют сходный по структурной организации микросателлитный кластер и одинаковое сочетание SNPs во фланкирующих участках, а отличия связаны с числом GATA-повторов (делеция GATA-звена у потомков в семье 1 и инсерция звена в семье 2). Мутаций в ДНК, фланкирующих микросателлитный кластер, не обнаружено. Полученные данные согласуются с моделью пошаговых мутаций (Stepwise mutation model) [3], согласно которой размер новых аллелей микросателлита увеличивается или уменьшается на одно мономерное звено с равной вероятностью и не зависит от первоначальных размеров аллеля. При этом в работе Бадаевой и соавт. на выборке семей партеновида *D. unisexualis* по локусу Du281 были получены результаты, которые также подтверждают эту модель [4]. Поскольку все потомки несут по локусу Du47G одинаковое сочетание аллелей и отличаются от материнской особи, т.е., наблюдаемые изменения в семьях 1 и 2 были одинаковыми у всех потомков в одной семье – это позволяет предположить, что мутации возникают на начальном этапе эмбриогенеза.

Предварительные данные по генотипированию семейных образцов *D. dahli* (И. Мартиросян, неопубликованные данные) из популяции Папанино по четырем микросателлитным локусам (Du215, D281, Du323 и Du47G), указывают на то, что гипервариабельный локус Du47G у *D. armeniaca* стабилен у партеновида *D. dahli.* Такие различия могут быть связаны с организацией гибридных геномов партеновидов.

Частота мутаций для локуса Du47G, определенная как отношение количества вновь возникших мутантных аллелей к общему числу исследованных потомков, составила $1{,}8 \times 10^{-2}$ событий на мейоз. Полученные данные представляют интерес для оценки скоростей мутации у видов с клональным типом размножения в отсутствии рекомбинации, а также определения их вклада в популяционную изменчивость таких видов, в частности, партеновида *D. armeniaca*.

Данная работа была проведена в рамках выполнения государственного задания FFEW-2024-0008.

Список литературы

1. Ellegren H. Microsatellite mutations in the germline: implications for evolutionary inference // Trends in Genetics. 2000. V. 16. № 12. P. 551–558. doi: 10.1016/S0168-9525(00)02139-9
2. Girnyk A.E., Vergun A.A., Semyenova S.K. et al. Multiple interspecific hybridization and microsatellite mutations provide clonal diversity in the parthenogenetic rock lizard *Darevskia armeniaca* // BMC Genomics. 2018. V. 19. № 1. P. 1–12. doi: 10.1186/s12864-018-5359-5

3. Ohta T., Kimura M. The model of mutation appropriate to calculate the number of electrophoretically detectable alleles in a genetic population // Genetics Research. 1973. V. 22. P. 201–204. doi: 10.1017/s0016672300012994
4. Badaeva T.N., Malysheva D.N., Korchagin V.I., Ryskov A.P. Genetic Variation and De Novo Mutations in the Parthenogenetic Caucasian Rock Lizard *Darevskia unisexualis* // PLoS ONE. 2008. V. 3. № 7. P. e2730. doi: 10.1371/journal.pone.0002730

Информация об авторах:
Авторы Гирнык Анастасия Евгеньевна, ORCID ID 0000-0001-9199-1281
Вергун Андрей Александрович, ORCID ID 0000-0001-5255-7802

DOI: 10.48612/altuhov/2026_01-10

Исследование хромосомной изменчивости дальневосточных популяций малярийного комара *Anopheles kleini* (Diptera, Culicidae)

Гордеев М.И.[1,2]*, Бега А.Г.[1,3], Бородин Л.И.[1,2], Конради А.А.[1,2], Панов В.И.[1], Москаев А.В.[1,2]

[1]Государственный университет просвещения, Москва, Россия

[2]Российский государственный университет народного хозяйства им. В.И. Вернадского, Московская область, Балашиха, Россия

[3]Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова Российской академии наук, Москва, Россия

**e-mail: gordeev_mikhail@mail.ru*

Study of chromosomal variability in the Far Eastern populations of the malaria mosquito *Anopheles kleini* (Diptera, Culicidae)

Gordeev M.I.[1,2] *, Bega A.G.[1,3], Borodin L.I.[1,2], Konradi A.A.[1,2], Panov V.I.[1], Moskaev A.V.[1,2]

[1] Federal State University of Education, Moscow, Russia

[2]Vernadsky Russian State University of National Economy, Balashiha, Russia

[3]Vavilov Institute of General Genetics, Russian Academy of Sciences, Moscow, Russia.

**e-mail: gordeev_mikhail@mail.ru*

Резюме. У малярийного комара *Anopheles kleini* в популяциях Хабаровского и Приморского краев были найдены инверсии $2L_1$, $3R_3$, $3R_4$, $3R_6$, $3R_7$, $3R_9$, $3R_{10}$, $3L_1$. Частота гомозигот $3R_{00}$ снижается, а частота гетерозигот $3R_{03}$ увеличиваются при продвижении с севера на юг в зоне муссонного континентального климата. Частоты гетерозигот $3R_{06}$, $3R_{07}$, $3R_{09}$ возрастают в Приморье в зоне морского муссонного климата.
Ключевые слова: малярийные комары, *Anopheles kleini*, хромосомный полиморфизм, инверсии, *ITS*2, *CO*I, Дальний Восток

Abstract. Inversions $2L_1$, $3R_3$, $3R_4$, $3R_6$, $3R_7$, $3R_9$, $3R_{10}$, $3L_1$ were found in the malaria mosquito *Anopheles kleini* in the populations of the Khabarovsk and Primorsky Territories. The frequency of homozygotes $3R_{00}$ decreases, and the frequency of heterozygotes $3R_{03}$ increases when moving from north to south in the monsoon continental climate. The frequencies of heterozygotes $3R_{06}$, $3R_{07}$, $3R_{09}$ increase in Primorye in the zone of the marine monsoon climate.
Keywords: malaria mosquitoes, *Anopheles kleini*, chromosomal polymorphism, inversions, *ITS*2, *CO*I, Far East

Камышовый малярийный комар *Anopheles kleini* Rueda, 2005 входит в состав ориентального комплекса Hyrcanus (Diptera, Culicidae) и является важным компонентом гнуса на Дальнем Востоке России. *An. kleini* считается основным и самым опасным

переносчиком малярии на Корейском полуострове. Несмотря на важное эпидемиологическое значение и широкое распространение на Дальнем Востоке, кариотипический состав и хромосомный полиморфизм комаров этого вида фактически не изучены. Целью данной работы был цитогенетический анализ популяций *An. kleini*, обитающих на территории Хабаровского и Приморского краев. В задачи работы входило определение структуры политенных хромосом (кариотипа) *An. kleini*, выявление хромосомных перестроек (инверсий) и оценка частот этих инверсий в популяциях.

Выборки личинок 4-го возраста малярийных комаров были получены 7-14 июля 2020 г. в Хабаровском крае (г. Хабаровск, г. Комсомольск-на-Амуре) и 22-24 июля 2025 г. в Приморском крае (г. Дальнереченск, пгт. Кавалерово). Личинок фиксировали в спирт-уксусной смеси (3:1). Кариотипы комаров исследовали на препаратах политенных хромосом, изготовленных из слюнных желез личинок по лактоацеторсеиновой методике [1]. Всего исследовали кариотипы у 176 малярийных комаров. Видовой состав комаров верифицировали с помощью молекулярно-генетических маркеров: методом ПЦР-ПДРФ определяли состав локуса *ITS*2 рДНК, а также *COI* мтДНК. Полученные сиквенсы были зарегистрированы в GenBank: ITS2 - PX443896 (Хабаровск); PX443897 (Комсомольск-на-Амуре); *COI* – PX500675-PX500683 (Хабаровск); PX500684 - PX500707 (Комсомольск-на-Амуре). Для видовой идентификации использовали *ITS*2 из-за митохондриальной интрогрессии у близкородственных видов *An. kleini* и *An. sinensis* Wiedemann, 1828.

В результате цитогенетического и молекулярно-генетического анализа было определено, что все малярийные комары в выборках принадлежат одному виду *An. kleini*. На основании сравнения рисунка дисков политенных нами установлено, что опубликованная ранее рабочая карта политенных хромосом для *An. sinensis* [2], на самом деле принадлежит *An. kleini*. В дальнейшем эту карту и нумерацию инверсий использовали для определения и локализации хромосомных перестроек у комаров в изученных выборках.

В дальневосточных популяциях *An. kleini* были обнаружены следующие инверсии: $2L_1$ (19b-21b), $3R_3$ (23b-29c), $3R_4$ (26c-28b), $3R_6$ (23c-25b), $3R_7$ (28b-30c), $3R_9$ (28b-29c), $3R_{10}$ (23c/24a-27b), $3L_1$ (36b-38b). Инверсия $3R_{10}$ обнаружена впервые. Частоты инверсионных вариантов приведены в Таблице. Основная часть хромосомных перестроек локализована в плече 3R. Показано, что в зоне муссонного континентального климата при продвижении с севера на юг (Комсомольск-на-Амуре, Хабаровск, Дальнереченск) меняется соотношение инверсионных вариантов плеча 3R: снижается доля гомозигот $3R_{00}$, увеличиваются частоты $3R_{03}$ и всех остальных гетерозигот (χ^2=12.06; число степеней свободы df=4; $p<0,05$). В популяции п. Кавалерово, обитающей в зоне морского муссонного климата, по сравнению с популяцией Дальнереченска, снижается частота гетерозигот $3R_{03}$, и возрастают частоты вариантов $3R_{06}$, $3R_{07}$, $3R_{09}$ (χ^2=9.48; df=2; $p<0,01$). В популяции Кавалерово найдены гетерозиготы $3R_{09}$, тогда как гетерозиготы по инверсии $3R_4$ отсутствуют.

Заслуживает особого внимания высокий уровень полиморфизма плеча 3R. В этом плече найдено 10 инверсий в популяциях *An. kleini*. Значительное число инверсий найдено также в плече 3R у двух высоко полиморфных видов: *An. messeae* Fall., 1926 и *An. beklemishevi* Stegniy, Kabanova, 1976. Как и *An. kleini* в ориентальном комплексе Hyrcanus, эти два вида имеют самые северные ареалы среди палеарктических видов комплекса Maculipennis. Подобного полиморфизма не найдено у других близкородственных видов.

В настоящее время на основе полногеномного секвенирования проведено физическое картирование хромосом и выполнено сравнение синтенных блоков генов в плече 3R у *An. sinensis* и в соответствующем плече 2R у наиболее полно генетически изученного комара *An. gambiae* Giles, 1902 [3]. У обоих видов в этом плече имеются ортологи генов, выполняющие ряд адаптивных функций: детоксикация ксенобиотиков и устойчивость к инсектицидам; формирование кутикулы (защита от обезвоживания); иммунный ответ (в том числе регуляция микробиоты кишечника и взаимодействие с *Plasmodium*); обоняние и поиск хозяина (поиск человека или животных, выбор мест откладки яиц, реакция на изменения среды); ответ на стресс (факторы теплового шока, антиоксидантные ферменты, регуляторы окислительного стресса). Очевидно, ортологи этих же генов имеются в плече 3R у *An. kleini*, входящего в одну кладу с *An. sinensis.*

Наличие ряда хромосомных перестроек, встречающихся с высокой частотой в популяциях *An. kleini*, свидетельствует об их важной роли в процессе расширения экологической ниши вида и освоении тех регионов, куда не могут проникнуть другие виды малярийных комаров ориентального комплекса Hyrcanus.

Таблица – Частоты инверсионных гомо- и гетерозигот в дальневосточных популяциях *Anopheles kleini*

Инверсионные варианты	Частоты инверсионных вариантов, $f \pm s_f$ (%)			
	г. Комсомольск-на-Амуре	г. Хабаровск	г. Дальнереченск	п. Кавалерово
$XL_{00}+XL_0$	100	100	100	100
$2R_{00}$	100	100	100	100
$2L_{00}$	100	97,0±3,0	100	97,6±2,4
$2L_{01}$	0	3,0±3,0	0	2,4±2,4
$3R_{00}$	61,3±6,2	51,5±8,7	43,6±7,9	52,4±7,7
$3R_{03}$	4,8±2,7	24,3±7,5	25,7±7,0	2,4±2,4
$3R_{03}+3R_{06}$	0	3,0±3,0	0	0
$3R_{04}$	3,2±2,2	0	5,1±3,5	0
$3R_{06}$	0	12,1±5,7	0	0
$3R_{06}+3R_{07}$	0	6,1±4,2	7,7±4,3	0
$3R_{06}+3R_{09}$	0	0	0	2,4±2,4
$3R_{07}$	21,0±5,2	3,0±3,0	17,9±6,1	42,8±7,6
$3R_{07}+3R_{0/10}$	1,6±1,6	0	0	0
$3R_{0/10}$	8,1±3,5	0	0	0
$3L_{00}$	100	81,8±5,8	100	100
$3L_{01}$	0	18,2±5,8	0	0
Число особей	62	33	39	42

Исследование выполнено за счёт гранта Российского научного фонда (РНФ) № 25-24-00737, https://rscf.ru/project/25-24-00737/ «Хромосомный полиморфизм в популяциях малярийных комаров ориентального комплекса Hyrcanus – переносчиков трансмиссивных заболеваний на Дальнем Востоке».

Список литературы

1. Москаев А.В., Гордеев М.И., Кузьмин О.В. Хромосомный состав популяций малярийного комара *Anopheles messeae* в центре и на периферии видового ареала// Вестник МГОУ. Серия: Естественные науки. 2015. № 1. С. 29–35.
2. Перевозкин В.П. Хромосомный полиморфизм малярийных комаров (Diptera, Culicidae) Приморского края // Вестник Томского государственного педагогического университета. 2009. № 11(89). С. 181–185.

3. Liang J., Sharakhova M.V., Lan Q., Zhu H., Sharakhov I.V., Xia A. A standard cytogenetic map for Anopheles sinensis and chromosome arm homology between the subgenera Anopheles and Cellia // Medical and Veterinary Entomology. 2014. Aug;28. Suppl. 1. P. 26-32. DOI: 10.1111/mve.12048

Информация об авторах:
Гордеев Михаил Иванович, ORCID ID 0000-0001-9031-6655
Бега Анна Геннадьевна, ORCID ID 0000-0002-0011-7642
Бородин Лев Сергеевич, ORCID ID 0009-0009-2743-8620
Конради Анна Андреевна
Панов Владимир Игоревич, ORCID ID 0009-0003-9860-9307
Москаев Антон Вячеславович, ORCID ID 0000-0003-0592-3691

DOI: 10.48612/altuhov/2026_01-11

Генетический полиморфизм Псовых в оценке состояния природных и хозяйственных популяций и в судебно-экспертной идентификации

Гребенчук А.Е.[1]*, Цыбовский И.С.[2]
[1]*Государственный комитет судебных экспертиз Республики Беларусь, Минск, Республика Беларусь.*
[2]*РУП «БелЮрОбеспечение», Минск, Республика Беларусь*
**e-mail: iamsanya94@mail.ru*

Genetic polymorphism of *Canidae* in assessing the state of natural and managed populations and in forensic identification

Hrebianchuk A.E.[1]*, Tsybovsky I.S.[2]
[1]*State Forensic Examination Committee of the Republic of Belarus, Minsk, Belarus.*
[2]*BelJurZabespjachjenne, Minsk, Belarus.*
**e-mail: iamsanya94@mail.ru*

Резюме. Впервые в Беларуси проведена комплексная оценка генетического состояния природных и искусственных популяций псовых (*Canidae*). Мультилокусный анализ подтвердил высокий уровень генного обмена у енотовидной собаки и лисицы, а также локальный характер антропогенного давления на популяцию волка. Для надежной детекции скрытой гибридизации разработан и валидирован по международным стандартам оригинальный алгоритм (STR-анализ совместно с установлением числа копий гена *Amy2b*). Созданный комплекс успешно внедрен в экспертную практику для криминалистического анализа объектов животного происхождения.
Ключевые слова: Генетическая структура популяций, псовые, *Canidae*, панмиксия, интрогрессия генов, ДНК-типирование

Abstract. A comprehensive assessment of the genetic condition of natural and artificial canid (*Canidae*) populations was conducted for the first time in Belarus. Multilocus analysis confirmed a high level of gene flow in raccoon dog and red fox populations, as well as the localized nature of anthropogenic pressure on the wolf population. For reliable detection of cryptic hybridization, an original algorithm was developed and validated according to international standards (STR analysis combined with *Amy2b* gene copy number verification). The developed complex has been successfully integrated into forensic practice for the criminalistic analysis of animal-derived evidence.
Keywords: Genetic structure of populations, canids (*Canidae*), panmixia, gene introgression, DNA typing

Семейство *Canidae* занимает ключевую экологическую нишу хищников в биоценозах Беларуси. Современный состав семейства включает три группы: дикие виды (волк евразийский, лисица обыкновенная и енотовидная собака), искусственно разводимые фермерские виды (песец, черно-бурая лисица) и доминирующую по численности собаку домашнюю.

Высокая средообразующая роль диких псовых и их определяющее влияние на динамику других видов стали основанием для отнесения их к категории ненормируемых охотничьих видов. Сегодня популяции диких хищников в Беларуси испытывают двойное давление. С одной стороны – это интенсивный регулярный отстрел, а с другой – сильная антропогенная фрагментация природных ландшафтов. Сочетание этих негативных факторов требует объективной научной оценки генетического состояния популяций, что необходимо для долгосрочного прогнозирования устойчивости экосистем. При этом главную генетическую опасность представляет интрогрессия генов одичавших домашних собак в генофонд волка. Такая гибридизация напрямую угрожает жизнеспособности и сохранению дикого вида в долгосрочной перспективе.

Настоящее исследование было направлено на оценку генетической структуры популяций псовых в Республике Беларусь, проведения популяционного анализа и разработки метода дифференциации волка, собаки и их гибридов. Методологическую основу работы составил анализ 1043 биологических образцов псовых. В состав основной выборки вошли представители белорусской фауны, а в группу экстремальных и сравнительных образцов – особи из географически удаленных популяций (лисица обыкновенная, Шотландия; волк евразийский, Австрия) и редкие виды (шакал, песец, гиеновидная собака), что позволило оценить межпопуляционную вариабельность и доказать специфичность подходов. Разработанные на базе 70 STR-локусов уникальные тест-системы применены для комплексного анализа генетической структуры изучаемых видов псовых. Для дифференциации волка, собаки домашней и их гибридных особей исследован уровень копийности гена *Amy2b*. Соответствие методов международным стандартам подтверждено в ходе валидации, а расчеты выполнены с помощью современных пакетов генетико-статистических программ.

Изучение генетического состояния лисиц и песца с использованием разработанной тест-системы VulpesPlex (VPlex) выявило три четких генетических кластера: объединенную группу дикой лисицы Беларуси и Шотландии, фермерскую лисицу и песца. Высокая консолидированность групп указывает на истинную дифференциацию диких и вольерных особей, а также на отсутствие интрогрессии особей со звероферм в природную популяцию. Анализ молекулярной дисперсии (AMOVA) подтвердил глубокую дифференциацию: межвидовая вариация достигла 44,79 %, межгрупповая – 20,77 %, тогда как различия между изолированными дикими популяциями Беларуси и Шотландии составили всего 4,64 %. Данный факт доказывает, что при панмиксии искусственный отбор выступает более мощным фактором внутривидовой изменчивости, нежели длительная географическая изоляция.

Популяция енотовидной собаки в Беларуси является единой и панмиктической. Результаты исследования 15 STR-маркеров (тест-система NyctereutesPlex) свидетельствуют об отсутствии пространственной дифференциации и кластеризации вида на исследуемой территории. Данный вывод строго подтверждается платообразным распределением статистики ΔK (метод Эванно), сплошным перекрыванием генотипов при координатном анализе (PCoA), а также крайне низким индексом фиксации (F_{ST} = 0,0148).

Оптимальный уровень генетического разнообразия и минимальное расхождение между показателями ожидаемой (0,665) и наблюдаемой (0,670) гетерозиготности указывают на сбалансированное состояние генофонда. Полученные молекулярно-генетические данные позволяют охарактеризовать белорусскую популяцию енотовидной собаки как единую панмиктическую популяцию с интенсивным генным обменом.

Анализ генофонда и уровня полиморфизма волка, собаки и гибридов с использованием тест-системы CanisPlex (CPlex) выявил два генетических кластера (при K = 2), что подтверждается и многомерным масштабированием (PCoA). Природная популяция волков Беларуси гомогенна и находится в мутационно-дрейфовом равновесии (H_O = 0,730; H_E = 0,786), тогда как у собак выявлен инбридинг как следствие искусственного отбора. Анализ молекулярной дисперсии (AMOVA) подтвердил значимую дифференциацию групп (F_{ST} = 0,0828; P < 0,05), а Assignment test показал 100%-ю точность межвидового отнесения. Промежуточное положение гибридов на графике PCoA и ограниченные возможности STR-маркеров при выявлении скрытой интрогрессии обосновывают необходимость создания альтернативных подходов для прямой идентификации гибридов. Для этого на полном массиве биологических образцов проведено исследование вариабельности числа копий гена альфа-амилазы *Amy2b*. Установлено, что разработанный метод (новые ДНК-зонды) обеспечивает надежную дифференциацию диких псовых, обладающих двумя копиями гена *Amy2b*, и собаки домашней, имеющей более двух копий.

Оценка генетических характеристик гибридов волка и собаки показала неэффективность использования только частотных параметров STR-аллелей. Байесовский анализ и Assignment test ошибочно относят гибридные особи к выборке волка. В то же время оценка вариабельности числа копий гена *Amy2b* у данных образцов стабильно выявляет «домашний» тип копийности. Это обосновывает необходимость применения комбинированного подхода (STR-анализа совместно с установлением числа копий гена *Amy2b*) для надежной детекции скрытой интрогрессии. Например, в группе из 10 волков, отобранных по фенотипическим параметрам как возможные гибриды, гибридная природа была подтверждена только для 7 особей. С помощью данного алгоритма в совокупной белорусской выборке волка были выявлены свободноживущие гибриды (6,3 %). Локальный характер их территориального распределения указывает на то, что интрогрессия отражает региональные особенности существования популяций, а не критическую антропогенную деформацию экосистем в масштабах всей страны.

Таким образом, разработанные уникальные тест-системы на основе 70 STR-локусов позволили впервые детально охарактеризовать генетическую структуру псовых Беларуси. Популяция енотовидной собаки является единой панмиктической группировкой без признаков фрагментации. В популяциях лисиц и песца направленный искусственный отбор выступает более мощным фактором изменчивости, чем географическая изоляция, при этом интрогрессия генов со звероферм в дикую природу отсутствует. Природная популяция волка гомогенна и находится в генетическом равновесии. Для надежного выявления скрытой интрогрессии генов собак в генофонд волка показана недостаточная эффективность использования STR-маркеров. Доказано, что только комбинированный подход, сочетающий STR-анализ и оценку копий гена *Amy2b*, обеспечивает 100 %-ю точность идентификации гибридов. Выявленные с помощью этого алгоритма свободноживущие гибриды носят локальный характер, что указывает на стабильность экосистем в масштабах страны.

На основе проведенного фундаментального исследования сформированы оптимальные панели маркеров для судебной экспертизы объектов животного происхождения. Объединение STR-генотипирования и оценки числа копий гена *Amy2b* в единый комплекс гарантирует высокий уровень доказательности и силы исключения в криминалистическом ДНК-анализе. Успешная апробация на коллекционных и реальных криминалистических объектах подтверждает высокую эффективность внедрения созданного комплекса в экспертную практику.

Информация об авторах:
Гребенчук Александра Евгеньевна, ORCID ID 0000-0002-1224-3275
Цыбовский Иосиф Станиславович, ORCID ID 0000-0002-8611-8215

DOI: 10.48612/altuhov/2026_01-12

Популяционный анализ и генетическая идентификация диких особей северного оленя (*Rangifer tarandus*) в экспертно-криминалистической деятельности

Давыдова Л.В.[1], Артамошкина О.М.[2], Рябухина М.В.[2]*
[1]*Экспертно-криминалистический центр МВД по Республике Коми, Сыктывкар, Коми*
[2]*Экспертно-криминалистический центр МВД России, Москва, Россия*
**e-mail: marija-rjabuhina@mail.ru*

Population analysis and genetic identification of wild reindeer (*Rangifer tarandus*) in forensic activities

Davydova L.V.[1], Artamoshkina O.M.[2], Ryabukhina M.V.[3]*
[1]*Forensic Science Center, Ministry of Internal Affairs of the Komi Republic, Syktyvkar, Komi*
[2]*Forensic Science Center, Ministry of Internal Affairs of the Russian Federation, Moscow, Russia*
**e-mail: marija-rjabuhina@mail.ru*

Резюме. В статье представлены сведения о численности и генетическом разнообразии популяции северного оленя в Российской Федерации, а также подходы к видовой и индивидуальной идентификации животных на основе анализа микросателлитных STR-локусов. Показано, что использование популяционных генетических данных позволяет повысить достоверность экспертных выводов при расследовании преступлений, связанных с незаконной охотой.
Ключевые слова: популяционный анализ; генетическая идентификация; STR-маркеры; ДНК-анализ; генетическое разнообразие; незаконная охота

Abstract. The article presents information on the number and genetic diversity of the reindeer population in the Russian Federation, as well as approaches to species and individual identification of animals based on the analysis of microsatellite STR loci. It is shown that the use of population genetic data can increase the reliability of expert conclusions in the investigation of crimes related to illegal hunting.
Keywords: population analysis; genetic identification; STR markers; DNA analysis; genetic diversity; illegal hunting

Северный олень (*Rangifer tarandus*) является одним из ключевых видов арктических и субарктических экосистем Евразии и Северной Америки. Вид играет важную экологическую роль, обеспечивает традиционное природопользование коренных народов Севера и представляет значительную хозяйственную ценность. В России распространены

четыре основных подвида: новоземельский северный олень – *R. t. pearsoni* Lydekker, европейский северный олень – *R. t. tarandus* Linnaeus, сибирский северный олень – *R. t. sibiricus* Murray, охотский северный олень – *R. t. phylarchus* Hollister [1]. Несмотря на широкое распространение, численность мировых популяций за последние десятилетия существенно сократилась. По оценкам Международного союза охраны природы за рубежом XX–XXI веков мировая численность вида уменьшилась примерно на 40 %. В Российской Федерации в 2012–2021 гг. численность дикого северного оленя сохранялась в пределах 925,7–1061,9 тыс. особей.

Основными факторами сокращения численности являются трансформация местообитаний, изменение климата, конкуренция с домашними северными оленями, антропогенное воздействие и незаконная охота. Следствием этих процессов становится фрагментация популяций и снижение генетического разнообразия, что представляет угрозу для долговременного сохранения вида. В связи с этим ряд популяций северного оленя включён в Красную книгу Российской Федерации.

Для оценки состояния популяций северного оленя особое значение имеют молекулярно-генетические методы исследования. Первоначально для изучения внутривидовой изменчивости использовались белковые маркеры, в частности полиморфизм трансферрина. Развитие молекулярной генетики привело к широкому внедрению анализа митохондриальной ДНК, микросателлитных локусов (STR) и однонуклеотидных полиморфизмов (SNP). Наиболее востребованными в популяционных исследованиях остаются микросателлитные маркеры, позволяющие оценивать генетическое разнообразие, миграционные процессы, степень изоляции отдельных группировок и структуру популяций [2-4].

С целью изучения генетической структуры популяции северного оленя был исследован биологический материал от 60 особей, обитающих на территории Республики Коми, Ямало-Ненецкого автономного округа, Ненецкого автономного округа, Пермского края, Архангельской и Свердловской областей. Исследуемая выборка охватывала значительную часть ареала европейского подвида северного оленя (*Rangifer tarandus*). Генотипирование проводилось по 16 микросателлитным локусам и половому маркеру SRY.

Результаты исследования свидетельствуют о высоком уровне генетической изменчивости. В исследованной выборке было выявлено 178 аллелей. Количество аллелей варьировалось от двух в локусе C217 до двадцати в локусе OheQ. Наиболее полиморфные локусы характеризовались значительным разнообразием аллельных вариантов, что свидетельствует о сохранении генетического потенциала популяции. Высокий уровень полиморфизма позволяет эффективно использовать данные локусы как для популяционного анализа, так и для индивидуальной идентификации животных (Таблица).

На основании результатов генотипирования были рассчитаны частоты встречаемости аллелей для всех исследованных локусов. Полученные данные формируют региональный популяционный реестр генетических маркеров северного оленя. Использование таких данных позволяет оценивать вероятность случайного совпадения генотипов, определять происхождение биологических образцов и проводить анализ родственных связей между особями.

Таблица – Частоты встречаемости аллелей

Локус	Число аллелей (Na)	Диапазон аллелей	Наиболее частый аллель (p)
BMS1788	19	143–172	154 (0,250)
Rt30	11	205–269	205 (0,208)
Rt1	13	241–265	259 (0,263)
Rt9	15	131–159	151 (0,208)
C143	3	176–184	180 (0,458)
Rt7	12	238–264	242 (0,283)
OheQ	20	272–327	284 (0,158)
FCB193	13	126–150	134 (0,275)
Rt6	18	168–208	198 (0,208)
C217	2	215–219	215 (0,966)
Rt24	13	234–268	244 (0,161)
C32	7	298–330	306 (0,528)
BMS745	8	130–142	132 (0,333)
NVHRT16	11	184–228	206 (0,239)
T40	8	259–306	267 (0,716)
C276	7	354–434	354 (0,331)

Практическое значение популяционного анализа заключается в возможности использования полученных данных при расследовании преступлений, связанных с незаконной охотой. Генетические профили биологических следов, обнаруженных на месте происшествия, могут быть сопоставлены между собой и с объектами, изъятыми у подозреваемых. При совпадении генотипов проводится вероятностно-статистическая оценка результатов с использованием популяционных частот аллелей. Для популяции северного оленя России вероятность случайного совпадения менее 1×10^{-6} позволяет формулировать категорический вывод о принадлежности исследуемых образцов одной особи животного.

Таким образом, проведённый популяционный анализ показал высокий уровень генетического разнообразия исследованной выборки северного оленя и подтвердил эффективность использования STR-маркеров для решения задач как популяционной генетики, так и судебно-экспертной практики. Создание региональных реестров данных частот аллелей позволяет повысить достоверность индивидуальной идентификации животных, способствует расследованию фактов незаконной добычи охотничьих ресурсов и обеспечивает дополнительный инструмент мониторинга состояния природных популяций северного оленя.

Список литературы

1. Панченко Д.В., Мизин И.А., Рожнов В.В. Северный олень Rangifer tarandus Linnaeus, 1758 // Красная книга Российской Федерации. Том «Животные». 2-ое изд. – М.: ФГБУ «ВНИИ Экология», 2021.
2. Харзинова В.Р., Доцев А.В., Крамаренко А.С., Лайшев К.А., Романенко Т.М., Соловьева А.Д., Денискова Т.Е., Костюнина О.В., Брем Г., Зиновьева Н.А. Изучение аллелофонда и степени генетической интрогрессии домашней и дикой популяций северного оленя (Rangifer tarandus L., 1758) с использованием микросателлитов // Сельскохозяйственная биология, 2016. – Том 51, №6.
3. Харзинова В.Р., Денискова Т.Е., Сермягин А.А., Доцев А.В., Соловьева А.Д., Зиновьева Н.А. Эволюция методов оценки биоразнообразия северного оленя (Rangifer tarandus) // Сельскохозяйственная биология, 2017. – Том 52, №6.
4. Харзинова В.Р., Денискова Т.Е., Доцев А.В., Соловьева А.Д., Романенко Т.А., Лайшев К.А., Федоров В.И., Охлопков И.М., Reyer H., Wimmers K., Brem G., Риновьева Н.А. Разработка и валидация SNP-панели низкой плотности для характеристики генетического разнообразия популяций северного оленя (Rangifer tarandus) // Сельскохозяйственная биология, 2019. – Том 54, №6.

Информация об авторах:
Давыдова Любовь Васильевна, ORCID ID 0009-0004-9655-8187
Артамошкина Ольга Михайловна, ORCID ID 0009-0002-9959-9908
Рябухина Мария Владимировна, ORCID ID 0000-0002-8409-6630

DOI: 10.48612/altuhov/2026_01-13

Популяционный анализ и генетическая идентификация лося (*Alces alces*) в экспертно-криминалистической деятельности

Давыдова Л.В.[1], Артамошкина О.М.[2], Рябухина М.В.[2]*
[1]*Экспертно-криминалистический центр МВД по Республике Коми, Сыктывкар, Коми*
[2]*Экспертно-криминалистический центр МВД России, Москва, Россия*
[*]*e-mail: marija-rjabuhina@mail.ru*

Population analysis and genetic identification of elc (*Alces alces*) in forensic activity

Davydova L.V.[1], Artamoshkina O.M.[2], Ryabukhina M.V. [2 *]
[1]*Forensic Science Center, Ministry of Internal Affairs of the Komi Republic, Syktyvkar, Komi*
[2]*Forensic Science Center, Ministry of Internal Affairs of the Russian Federation, Moscow, Russia*
[*]*e-mail: marija-rjabuhina@mail.ru*

Резюме. Сокращение численности диких животных является одной из актуальных экологических проблем. По данным Всемирного фонда дикой природы (WWF) численность популяций позвоночных животных в мире с 1970 года снизилась на 68 %, в основном, в связи с незаконной охотой. В Российской Федерации животный мир является государственной собственностью, а незаконная добыча охотничьих ресурсов наносит значительный экономический ущерб. Особое внимание при расследовании подобных преступлений уделено применению молекулярно-генетических методов исследования.
Ключевые слова: молекулярно-генетические методы, ДНК-анализ, полиморфизм, браконьерство, популяция

Abstract. The decline in wild animal population is a pressing environmental issue. According to the World Wide Fund for Nature (WWF), vertebrate population worldwide have declined by 68 % since 1970, primarily due to illegal hunting. In the Russian Federation, wildlife is state property, and illegal hunting causes significant economic damage. Particular attention is paid to the use of molecular genetic research.
Keywords: molecular genetic methods, DNA analysis, polymorphism, poaching, population

Лось (*Alces alces*) является одним из наиболее значимых объектов охотничьих ресурсов России и основным объектом незаконной охоты в Республике Коми. Современная систематика вида основана на морфологических и генетических признаках. Выделяют европейскую и американскую формы лося. На территории России распространён преимущественно европейский лось, а также несколько азиатских подвидов. По данным Федерального центра развития охотничьего хозяйства численность лося в России в 2020 году составляла около 1,15 млн. особей, а в Республике Коми насчитывалось около 28,5 тыс. особей. В последнее время существенных изменений численности популяции не отмечалось, что свидетельствует об относительной стабильности вида. Однако высокий уровень браконьерства остаётся фактором риска для локальных популяций.

Для оценки генетической структуры популяции были использованы данные генотипирования 32 особей лося из Республики Коми, а также Кировской, Архангельской, Смоленской, Саратовской, Ярославской и Амурской областей. На основании исследования 17 STR-локусов рассчитаны частоты встречаемости аллелей, которые могут использоваться для оценки регионального генетического разнообразия и вероятности случайного совпадения генотипов. Полученные результаты показывают наличие выраженного полиморфизма по большинству исследованных локусов. Высокое разнообразие аллелей свидетельствует о сохранении генетической изменчивости популяции, что является важным показателем её устойчивости. Использование популяционных частот позволяет рассчитывать вероятность случайного совпадения генетических профилей и повышает достоверность идентификации отдельных особей [1, 2].

Для решения экспертно-криминалистических задач применяется двухэтапный подход. На первом этапе проводится видовая идентификация биологического материала с использованием набора «Artiodactyla Diff-PLEX». Метод основан на анализе полиморфизма STR-локусов и позволяет дифференцировать лося от других представителей отряда Парнокопытные (оленей, косуль, кабанов), а также от домашних животных. Исследование включает выделение ДНК, количественную оценку её качества, ПЦР-амплификацию локусов и анализ продуктов реакции методом капиллярного электрофореза. Видовая принадлежность устанавливается по совокупности качественных и количественных характеристик выявленных фрагментов ДНК. На втором этапе используется набор «Alces ID-PLEX», включающий 17 полиморфных STR-локусов, локусы определения пола (Amelogenin и CerSRY) и видоспецифичный локус T172. Методика позволяет установить индивидуальный генотип животного, определить половую принадлежность, подтвердить происхождение различных биологических следов от одной особи и проводить анализ родственных связей. При совпадении генетических профилей исследуемых объектов рассчитывается вероятность их случайного совпадения с использованием популяционных частот аллелей (Таблица).

С учётом общей численности популяции лося в России категорический вывод о принадлежности образцов одной особи возможен при вероятности случайного совпадения менее $9{,}1\times10^{-5}$. Популяционный анализ и молекулярно-генетическая идентификация лося являются эффективными инструментами экспертно-криминалистического сопровождения расследований преступлений, связанных с незаконной охотой. Использование данных о генетической структуре популяции позволяет не только проводить надёжную индивидуальную идентификацию животных, но и оценивать генетическое разнообразие популяций. Внедрение современных ДНК-технологий способствует повышению доказательственной базы по уголовным делам и эффективности охраны охотничьих ресурсов.

Таблица – Частоты встречаемости аллелей

MAF46	87	93	97	99	101	103	105				
частота	0,1250	0,0313	0,0156	0,2656	0,0313	0,0938	0,4375				
RT5	136	144	146	154	156	158	160	162	164	166	
частота	0,2188	0,0625	0,0625	0,0625	0,0469	0,01563	0,0625	0,3125	0,1406	0,0156	
T530	241	249	253	257							
частота	0,2813	0,3125	0,2031	0,20313							
RPB3	139	141	143								
частота	0,0469	0,5469	0,4063								
BM888	183	185	187	191							
частота	0,6094	0,2188	0,0156	0,1563							
BM1818	248	250	252	254	256	264					
частота	0,0938	0,1563	0,1875	0,3906	0,1250	0,0469					
T193	198	210	214	218	222	230					
частота	0,0156	0,3906	0,2188	0,1563	0,2031	0,0156					
BM6438	265	267	269	271	273	275	277				
частота	0,0156	0,2188	0,0313	0,3594	0,1563	0,0781	0,1406				
BL4	149	151	153	155	157	159	163	167	169	171	173
частота	0,1250	0,3125	0,2500	0,0938	0,0313	0,0469	0,0156	0,0313	0,0156	0,0625	0,0156
T268	215	223	227	231							
частота	0,2813	0,3125	0,2031	0,2031							
BM848	341	345	347	349	351	355					
частота	0,1875	0,1719	0,3594	0,0625	0,1406	0,0781					
BM1258	101	103	107	109	111						
частота	0,0938	0,0156	0,4375	0,3906	0,0625						
RT30	190	194	196	200	202	204	206				
частота	0,4844	0,0469	0,1094	0,0313	0,1719	0,1250	0,0313				
T26	319	323	327	331	335	339	343	347	351		
частота	0,0938	0,4688	0,0469	0,0469	0,1094	0,0313	0,0156	0,0938	0,0938		
BM757	186	188	190	192	194	196	198	200	204		
частота	0,1774	0,1935	0,0968	0,3065	0,0484	0,0323	0,0161	0,0968	0,0323		
BM1225	233	239	243	245	249	251	253	255	257	259	
частота	0,1719	0,0313	0,0781	0,0469	0,1250	0,1406	0,3438	0,0156	0,0313	0,0156	
BM203	223	229	231	233	235	237	239	241			
частота	0,0323	0,0806	0,1613	0,1774	0,1452	0,1935	0,1452	0,0645			

Список литературы

1. Котова С. А. ДНК-анализ диких животных в Республике Беларусь: современное состояние вопроса / С. А. Котова, И. С. Цыбовский // Евразийское партнерство судебных экспертов : вызовы, проблемы, пути решения и перспективы развития: материалы междунар. науч.-практ. конф., Минск, 19-20 апр. 2018 г.
2. Котова С.А., Забавская Т.В., Недзвецкая Д.Э. Методика видовой ПЦР-идентификации диких животных семейства Оленевые и их дифференциации от других парнокопытных семейств Полорогие и Свиные (актуализированная) / под ред. канд. биол. наук И.С. Цыбовского. Научно-практический центр Государственного комитета судебных экспертиз Республики Беларусь. Минск. 2019.

Информация об авторах:

Давыдова Любовь Васильевна, ORCID ID 0009-0004-9655-8187

Артамошкина Ольга Михайловна, ORCID ID 0009-0002-9959-9908

Рябухина Мария Владимировна, ORCID ID 0000-0002-8409-6630

DOI: 10.48612/altuhov/2026_01-14

Регуляторная геномика агрессивного поведения на лисице *Vulpes vulpes*

Дудко Н.А.[1]*, Гусев Ф.Е.[1,2], Андреева Т.В.[1,2,3], Манахов А.Д.[1,2,3], Шепелева Д.В.[4], Шихевич С.Г.[4], Харламова А.В.[4]

[1]*Научный центр генетики и наук о жизни, Научно-технологический университет «Сириус», Федеральная территория «Сириус», Россия*

[2]*Лаборатория эволюционной геномики, Отдел геномики и генетики человека, Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова РАН, Москва, Россия*

[3]*Центр генетики и генетических технологий, биологический факультет, МГУ им. М.В. Ломоносова, Москва, Россия*

[4]*Институт цитологии и генетики СО РАН, Новосибирск, Россия*

**e-mail: dudko@rogaevlab.ru*

Regulatory genetics of aggressive behavior in the fox *Vulpes vulpes*

Dudko N.A.*[1], Gusev F.E.[1,2], Andreeva T.V. [1,2,3], Manakhov A.D.[1,2,3], Shepeleva D.V.[4], Shihevich S.G.[4], Kharlamova A.V.[4]

[1]*Center for Genetics and Life Science, Sirius University of Science and Technology, Sirius, Russia*

[2]*Vavilov Institute of General Genetics, Russian Academy of Sciences, Moscow, Russia*

[3]*Center for Genetics and Genetic Technologies, Faculty of Biology, Lomonosov Moscow State University, Moscow, Russia*

[4]*Institute of Cytology and Genetics, Siberian Branch of the Russian Academy of Sciences, Novosibirsk, Russia*

**e-mail: dudko@rogaevlab.ru*

Резюме. На модели одомашненных лисиц, созданной Д. К. Беляевым, впервые выполнено масштабное профилирование активных регуляторных элементов (гистоновые метки H3K4me3 и H3K27ac) в префронтальной коре у животных из линий, селектированных на разное поведение по отношению к человеку. Выявлены дифференциально обогащённые локусы, функционально связанные с миелинизацией, нейрогенезом и синаптической/дофаминергической сигнализацией. Обнаружено, что длительная селекция на ручное поведение сопровождается расширением активных хроматиновых доменов, тогда как у агрессивных особей наблюдается их сужение, что согласуется с моделью «широкого домена» регуляции генов, критически важных для нейрональной пластичности. Полученные данные открывают перспективы для сравнительной популяционной эпигеномики и изучения регуляторных механизмов поведенческих адаптаций.

Ключевые слова: Агрессивное поведение, эпигенетика, животная модель, *Vulpes vulpes*

Abstract. Using the unique fox domestication model (*Vulpes vulpes*) developed by D. K. Belyaev, we performed the first genome-wide profiling of active regulatory elements (H3K4me3 and H3K27ac histone marks) in the prefrontal cortex of animals with divergent behavioral phenotypes. We identified hundreds of differentially enriched loci associated with myelination, neurogenesis, and synaptic/dopaminergic signaling pathways. Long-term selection for tame behavior appears to have expanded active chromatin domains, whereas aggressive animals exhibit narrower domains, consistent with the “broad domain” model of regulation for genes essential for neural plasticity. Our results provide a foundation for comparative population epigenomics and for dissecting the regulatory underpinnings of behavioral evolution under artificial selection.

Keywords: Aggressive behavior, epigenetics, animal model, *Vulpes vulpes*

Поведение является сложным полигенным фенотипом, формирующимся под влиянием множества физиологических систем (серотонинергической, окситоцинергической, гипоталамо-гипофизарно-надпочечниковой). Эпигенетические механизмы, включая модификации гистонов и метилирование ДНК, играют ключевую роль в регуляции экспрессии генов, вовлечённых в агрессивное поведение. Уникальной моделью для изучения генетических и эпигенетических основ поведения служит популяция лисиц *Vulpes vulpes*, созданная в ходе многолетнего эксперимента Д. К. Беляева по селекции. В этой модели искусственный отбор по поведению привёл к формированию трёх контрастных фенотипических групп – животных, проявляющих ручное или агрессивное поведение по отношению к человеку и неселекционированных. В рамках нашего исследования для изучения эпигенетических факторов, определяющих агрессивное поведение по отношению к человеку, была выбрана эта модель, позволяющая выявить регуляторные изменения, непосредственно связанные с поведенческим фенотипом, и изучить их в популяционно-генетическом контексте. С помощью технологии иммунопреципитации хроматина с последующим секвенированием были получены и проанализированы эпигенетические профили (H3K4me3 и H3K27ac) фронтальной коры лис, демонстрирующих разное поведение по отношению к человеку, идентифицированы такие регуляторные элементы, как промоторы и энхансеры. Сравнение эпигенетических профилей агрессивных лисиц с ручными и неселекционированными позволило выявить изменения на эпигенетическом уровне в генах, участвующих в процессах миелинизации, нейрогенеза, а также синаптической и дофаминергической сигнализации. Также, для генов *ABI3BP*, *RARA*, *DUSP1*, *CD82* и *PTGFRN* была выявлена согласованность направлений эпигенетических и транскрипционных изменений.

Информация об авторах:
Дудко Наталия Александровна, ORCID ID 0000-0002-7272-4943
Гусев Федор Евгеньевич, ORCID ID 0000-0001-9859-4721
Андреева Татьяна Владимировна, ORCID ID 0000-0001-7625-0063
Манахов Андрей Дмитриевич, ORCID ID 0000-0002-5163-8747
Шихевич Светлана Геннадьевна, ORCID ID 0009-0008-6580-994X
Харламова Анастасия Владимировна, ORCID ID 0000-0002-9974-4004

DOI: 10.48612/altuhov/2026_01-15

Геномные инструменты для прогнозирования возвратов и управления промыслом горбуши (*Oncorhynchus gorbuscha*) в бассейне Охотского моря

Зеленина Д.А.[1]*, Сошнина В.А.[1], Островский Б.Д.[1], Муравская У.О.[2], Пильганчук О.А.[2], Шпигальская Н.Ю.[2], Мюге Н.С.[1]

[1]*Всероссийский научно-исследовательский институт рыбного хозяйства и океанографии, Москва, Россия*

[2]*Камчатский филиал Всероссийского научно-исследовательского института рыбного хозяйства и океанографии («КамчатНИРО»), Петропавловск-Камчатский, Россия*

**e-mail: d.zelenina@gmail.com.ru*

Genomic tools for forecasting returns and managing the pink salmon (*Oncorhynchus gorbuscha*) fishery in the Sea of Okhotsk basin

Zelenina D.A.[1]*, Soshnina V.A.[1], Ostrovsky B.D.[1], Muravskaya U.O.[2], Pilganchuk O.A.[2], Shpigalskaya N.Yu.[2], Mugue N.S.[1]

[1]*Russian Federal Research Institute of Fisheries and Oceanography, Moscow, Russia*

[2]*Kamchatka Branch of Russian Federal Research Institute of Fisheries and Oceanography, Petropavlovsk-Kamchatsky, Russia*

**e-mail: d.zelenina@gmail.com.ru*

Резюме. Горбуша (*Oncorhynchus gorbuscha*) является наиболее массовым видом тихоокеанских лососей в России, однако значительные межгодовые колебания численности затрудняют прогнозирование ее подходов, особенно в бассейне Охотского моря. Для повышения точности прогнозов используются методы генетической идентификации, позволяющие оценивать вклад региональных группировок в формирование смешанных морских скоплений молоди. На основе геномных данных были разработаны SNP-панели для линий четных и нечетных лет воспроизводства. Для дальнейшего совершенствования метода проведено ddRAD-секвенирование более 800 образцов горбуши из 53 локальностей на азиатской части ареала. Анализ SNP-данных 301 особи четных лет нереста из 34 популяционных выборок бассейна Охотского моря позволил выделить девять региональных комплексов и определить маркеры, перспективные для включения в диагностические панели. Полученные результаты использованы для расширения генетической базы, применяемой при прогнозировании подходов и регулировании промысла горбуши.

Ключевые слова: горбуша; Охотское море; генетическая идентификация; SNP-маркеры; ddRAD-секвенирование; популяционная структура; прогнозирование подходов

Abstract. Pink salmon (*Oncorhynchus gorbuscha*) is the most abundant Pacific salmon species in Russia; however, pronounced interannual fluctuations in abundance complicate forecasting of returns, particularly in the Sea of Okhotsk basin. To improve forecast accuracy, genetic stock identification is used to estimate the contribution of regional stock groups to mixed-stock juvenile aggregations in the marine environment. Based on genomic data, SNP panels were developed separately for the even- and odd-year spawning lineages. To further improve the method, more than 800 pink salmon individuals from 53 localities across the species' Asian range were genotyped using ddRAD sequencing. Analysis of SNP data from 301 even-year individuals representing 34 population samples from the Sea of Okhotsk basin allowed us to identify nine regional complexes and determine markers promising for inclusion in diagnostic panels. The results were used to expand the genetic baseline applied to forecasting returns and regulating the pink salmon fishery.

Keywords: pink salmon; Sea of Okhotsk; genetic stock identification; SNP markers; ddRAD sequencing; population structure; return forecasting

Горбуша (*Oncorhynchus gorbuscha*) является наиболее массовым видом тихоокеанских лососей в России, и объемы ее вылова во многом определяют результаты лососевой путины. Вместе с тем для этого вида характерны значительные межгодовые колебания численности – как общей величины нерестового подхода, так и численности отдельных региональных стад, что существенно затрудняет надежное прогнозирование, прежде всего в бассейне Охотского моря. Традиционно прогнозирование подходов производителей основывалось преимущественно на ихтиологических данных, однако в последние годы всё большее значение в оценке запасов приобретают генетические методы. В течение ряда лет мы используем генетическую идентификацию для

определения вклада региональных группировок горбуши в формирование смешанных морских скоплений молоди, что в сочетании с оценками ее общей численности позволяет прогнозировать величину последующих подходов производителей в отдельные районы воспроизводства, а также ожидаемые объемы вылова.

С использованием геномных данных, полученных в университете штата Вашингтон [1], нами были разработаны две панели SNP-маркеров для горбуши – отдельно для линий четных и нечетных лет воспроизводства, включающие соответственно 8 и 10 локусов [2]. Эти панели уже несколько лет применяются в практике прогнозирования и позволили повысить точность оценок по сравнению с прогнозами, основанными исключительно на традиционных ихтиологических показателях [3].

Вместе с тем дальнейшее повышение разрешающей способности метода требует расширения генетической базы данных и поиска дополнительных маркеров, более эффективно дифференцирующих региональные группировки горбуши. Для решения этой задачи нами было выполнено масштабное ddRAD-секвенирование, охватившее основные районы воспроизводства горбуши на азиатской части ареала. Анализ более 800 образцов горбуши из 53 локальностей позволил детально изучить ее внутривидовую структуру, а также выявить сходство и различия между линиями четных и нечетных лет нереста в особенностях популяционно-генетической структуры и показателях генетической изменчивости.

Особое внимание мы уделили горбуше бассейна Охотского моря – самому многочисленному и вместе с тем одному из наиболее труднопрогнозируемых ресурсов тихоокеанских лососей. Анализ главных компонент, выполненный на основе данных SNP-генотипирования 301 особи горбуши четных лет нереста из 34 популяционных выборок бассейна Охотского моря, а также анализ главных координат, основанный на значениях попарных межвыборочных FST, выявили сходные паттерны кластеризации и позволили выделить в пределах исследуемой области девять региональных комплексов (Рисунок).

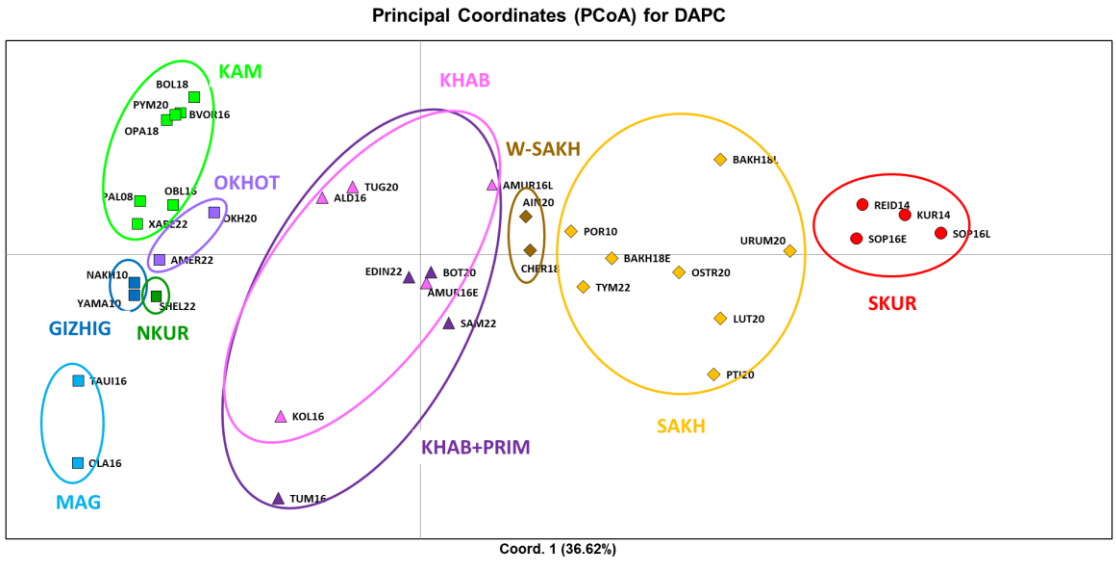


Рисунок – Кластеризация популяционных выборок охотоморской горбуши четных лет нереста в пространстве главных координат, построенном на основе значений межвыборочных FST.

С целью повышения точности региональной идентификации горбуши бассейна Охотского моря был проведен дискриминантный анализ главных компонент (DAPC), позволивший оценить степень разделения выделенных региональных группировок и определить SNP-маркеры, вносящие наибольший вклад в их дифференциацию. Кроме того, были определены наиболее информативные локусы, характеризующиеся повышенной

межгрупповой дифференциацией и перспективные для включения в диагностические панели. Аналогичные исследования для линии нечетных лет нереста проводятся в настоящее время.

Полученные данные были использованы для совершенствования SNP-панелей и расширения генетической базы, применяемой при прогнозировании подходов и регулировании промысла горбуши в бассейне Охотского моря.

Список литературы

1. Tarpey C.M., Seeb J.E., McKinney G.J., Seeb L.W. Single-nucleotide polymorphism data describe contemporary population structure and diversity in allochronic lineages of pink salmon (Oncorhynchus gorbuscha) // Can. J. Fish Aq. Sci. 2018. V. 75. P. 987–997. https://doi: 10.1139/cjfas-2017-0023
2. Zelenina D.A., Sergeev A.A., Kositsina A.I., Soshnina V.A., Shpigalskaya N.Y. SNP-based discrimination of pink salmon stocks of the Sea of Okhotsk basin: resolution of the approach and possible ways to increase it // Frontiers in Marine Science. 2023. 10:1140538. https://doi.org/10.3389/fmars.2023.1140538
3. Шпигальская Н.Ю., Зеленина Д.А., Пильганчук О.А., Сошнина В.А., Муравская У.О., Денисенко А.Д., Савенков В.В., Бугаева Е.А. Генетическая идентификация молоди горбуши Oncorhynchus gorbuscha (Walbaum) нечетной линии воспроизводства по результатам рестрикционного анализа митохондриальной ДНК и анализа однонуклеотидных полиморфизмов // Исследования водных биологических ресурсов Камчатки и северо-западной части Тихого океана. 2023. Т. 71. С. 5-22. https://doi.org/10.15853/2072-8212.2023.71.5-22

Информация об авторах:
Зеленина Дарья Александровна, ORCID ID 0000-0001-9560-5114
Сошнина Валерия Александровна, ORCID ID 0000-0002-4919-7890
Островский Борис Дмитриевич, ORCID ID 0009-0004-3350-5838
Муравская Ульяна Олеговна, ORCID ID 0009-0002-7269-4091
Пильганчук Оксана Александровна, ORCID ID 0009-0002-5074-8597
Шпигальская Нина Юрьевна, ORCID ID 0000-0002-2151-6220
Мюге Николай Сергеевич, ORCID ID 0000-0001-8957-1931

DOI: 10.48612/altuhov/2026_01-16

Филогеография плоскочерепной бурозубки (Mammalia, Eulipotyphla, Soricidae, *Sorex roboratus* Hollister, 1913) в сравнении с другими мелкими млекопитающими таежной зоны Палеарктики

Извольская М.А.[1]*, Банникова А.А.[1], Лебедев В.С.[2]

[1]Кафедра зоологии позвоночных, МГУ им. М.В. Ломоносова, , Москва, Россия

[2]Зоологический музей МГУ им. М.В. Ломоносова, Москва, Россия

**e-mail: izvmariya@ya.ru*

Phylogeography of the flat-skulled shrew (Mammalia, Eulipotyphla, Soricidae, Sorex roboratus Hollister, 1913) in comparison with other small mammals of the taiga zone of the Palearctic

Izvolskaya M.A.[1]*, Bannikova A.A.[1], Lebedev V.S.[2]

[1]Department of Vertebrate Zoology, Moscow State University, Moscow, Russia

[2]Museum of Zoology, Moscow State University, Moscow, Russia

**e-mail: izvmariya@ya.ru*

Резюме. Приведены первые данные о генетической структуре и демографической истории плоскочерепной бурозубки (*Sorex roboratus* Hollister, 1913) по результатам

секвенирования митохондриального гена *cytb* (1140 п.н.). Это загадочный вид, который может занимать разнообразные биотопы от лесов до открытых участков, отчего изучение его филогеографической структуры представляется важным и интересным вопросом. На генетическом дереве выделяется две группы образцов из близких локалитетов, тогда как оставшиеся образцы, также географически близкие, остаются у основания дерева, не образуя единой группы. Такой филогеографический паттерн не похож на те, которые мы находим у других бурозубок северо-восточной Палеарктики. Время существования последнего общего гаплотипа плоскочерепной бурозубки оценивается концом каргинского межледниковья, тогда как максимум экспансии приходится на совсем недавнее время – начало голоцена.
Ключевые слова: Sorex roboratus, сравнительная филогеография, *cytb*

Abstract. The first data on the genetic structure and demographic history of the flat-skulled shrew (Sorex roboratus Hollister, 1913) based on mitochondrial cytb gene sequencing (1140 bp) are presented. This is an enigmatic species that can inhabit a variety of biotopes, from forests to open areas, making the study of its phylogeographic structure an important and interesting question. On the genetic tree, two groups of samples from nearby localities are distinguished, while the remaining samples, also geographically close, remain at the base of the tree without forming a single group. This phylogeographic pattern differs from those found in other shrews of the northeastern Palearctic. The time to the most recent common haplotype of the flat-skulled shrew is estimated to be at the end of the Kargin interglacial, whereas the peak of expansion occurred in the very recent past – the beginning of the Holocene.
Keywords: Sorex roboratus, comparative phylogeography, *cytb*

Землеройки-бурозубки (род *Sorex*) – мелкие млекопитающие, которые представлены множеством видов, и формируют сложные многовидовые сообщества. Это открывает возможность сравнения филогеографических паттернов для изучения не только собственной истории отдельных видов, но и возможных эволюционных сценариев, которые могут реализовываться у разных представителей, живущих на одних территориях. Широкоареальные представители особенно интересны с точки зрения формирования видовых сообществ, так как их изучение позволяет понять влияние биоценозов и их динамики на эволюционную историю видов с разными экологическими требованиями. Наиболее интересным представляется влияние климатических циклов плейстоцена и голоцена на структуру ареала современных видов.

Плоскочерепная бурозубка (*S. roboratus*) – загадочный вид, информация о внутривидовой структуре которого ранее отсутствовала. Ее экологическая пластичность делает ее важным объектом для филогеографических исследований, как с точки зрения разнообразия биотопов, которые она занимает, так и того, что некоторые авторы [1] сообщают о том, что ее местообитания зависят скорее не от их состава, а от сообщества других видов бурозубок, которые обитают в тех или иных местах. Это могло особенно повлиять на ее внутривидовую структуру и демографическую историю.

Мы построили филогенетические деревья и сети гаплотипов, получили показатели генетического разнообразия, выполнили демографический и пространственный филогеографический анализ методом Continuous phylogeography, направленный на поиск потенциального рефугиума этого вида. В анализе использовались полные последовательности митохондриального гена *cytb* (1140 п.н.), полученные методом Сенгеровского секвенирования, а также материал из базы данных GenBank.

У плоскочерепной бурозубки не найдено четко очерченных кластеров с реципрокной монофилией, однако присутствуют две крупных поддержанных группы –

Сибирская и Тувинско-монгольская. Первая, объединяет большую часть зверьков из Сибирской части России – Красноярского края, Кемеровской и Новосибирской области, а также Центральной Якутии и Алтая, а вторая – образцы из Тувы и центральной Монголии. Образцы из Китая, восточной Монголии, Приморского и Амурского края единого кластера не формируют, однако остаются у основания филогенетического дерева. На сети гаплотипов также видна тенденция к расхождению этих трех групп. Образцы из Магаданской области также не формируют единого кластера, но занимают на дереве и сети промежуточное положение между образцами с Западной части ареала (Сибирская и Тувинско-монгольская группы) и Восточной (Дальневосточные, Китайские и Восточномонгольские образцы). При этом, тест AMOVA показывает некоторое превалирование внутрипопуляционной изменчивости (59,07%), над межпопуляционной (40, 93%).

Время существования последнего общего гаплотипа оценивается примерно концом каргинского межледниковья – началом последнего ледникового максимума (LGM). Демографические тесты указывают на недавнюю внезапную экспансии. По нашим оценкам, максимальная скорость увеличения эффективной численности происходила в начале голоцена, значительно позднее существования последнего общего предка. Облако точек, полученное в результате пространственного филогеографического анализа, довольно широкое и охватывает практически треть всего современного ареала, от чего четко предположить место, где вид переживал последний ледниковый максимум сложно. Вероятно, плоскочерепная бурозубка могла иметь несколько мелких рефугиальных популяций, в которых вид переживал похолодание последнего ледникового максимума. Для того, чтобы предположить более четкий филогеографический и демографический сценарий, требуются дополнительные исследования на независимых молекулярных маркерах и более обширная географическая выборка.

Обнаруженный филогеографический паттерн плоскочерепной бурозубки довольно специфичный. Внутривидовая структура этого вида слабее, чем у тундряной бурозубки (*S. tundrensis* Merriam, 1900). У последнего вида выявляется пять реципрокно монофилетических филогрупп [2, 3]. По сравнению со средней бурозубкой (*S. caecutiens* Laxmann, 1788), у которой на континентальной части ареала полностью отсутствует корреляция между генетическим и географическим расстоянием [4], у плоскочерепной бурозубки отмечена тенденция к формированию филогеографической структуры.

Наиболее похожий филогеографический паттерн прослеживается в северной группе лесного лемминга (*Myopus schisticolor* Liljeborg, 1844). Здесь также присутсвуют кластеры со слабой поддержкой, которые, тем не менее, соотносятся с географическим распределением образцов. Причем можно провести параллели между группировками лемминга и плоскочерепной бурозубки. У лемминга также есть подгруппа с образцами с территории республики Тыва. Отдельно, внутри Северной группы, стоят образцы с восточной части ареала. При этом, образцы с юго-востока обособляются в отдельную далекую группу, которая генетически обособлена от Северной [5].

Работа поддержана грантом РНФ № 26-14-00006.

Список литературы

1. Зайцев М. В., Войта Л. Л., Шефтель Б. И. Млекопитающие фауны России и сопредельных территорий. Насекомоядные. – Спб.: Издательство ЗИН РАН, 2014, 391 с.

2. Bannikova A. A. et al. Holarctic phylogeography of the tundra shrew (*Sorex tundrensis*) based on mitochondrial genes // Biological Journal of the Linnean Society. 2010. Т. 101. №. 3. С. 721-746. DOI: 10.1111/j.1095-8312.2010.01510.x
3. Hope A. G. et al. Persistence and diversification of the Holarctic shrew, *Sorex tundrensis* (Family Soricidae), in response to climate change // Molecular ecology. 2011. Т. 20. №. 20. С. 4346-4370. DOI: 10.1111/j.1365-294X.2011.05226.x
4. Liu Z. et al. Genetic diversity and molecular phylogeography of *Sorex caecutiens* in Northeast China // Acta Theriologica Sinica. 2020. Т. 40. №. 3. С. 249-260. DOI: 10.16829/j.slxb.150208
5. Fedorov V. B. et al. Comparative phylogeography and demographic history of the wood lemming (*Myopus schisticolor*): implications for late Quaternary history of the taiga species in Eurasia // Molecular Ecology. 2008. Т. 17. №. 2. С. 598-610

Информация об авторах:
Извольская Мария Александровна, ORCID ID 0009-0004-9733-1363
Банникова Анна Андреевна, ORCID ID 0000-0002-5264-4065
Лебедев Владимир Святославович, ORCID ID 0000-0003-4943-7097

DOI: 10.48612/altuhov/2026_01-17

Хромосомный полиморфизм у тундряной бурозубки *Sorex tundrensis* Merriam, 1900 (Mammalia, Eulipotyphla, Soricidae)

Извольская М.А.[1]*, Павлова С.В.[2], Банникова А.А.[1]
[1]Кафедра зоологии позвоночных, МГУ им. М.В. Ломоносова, Москва, Россия
[2]Институт проблем экологии и эволюции им. А.Н. Северцова РАН, Москва, Россия
**e-mail: izvmariya@ya.ru*

Chromosomal polymorphism of the tundra shrew *Sorex tundrensis* Merriam, 1900 (Mammalia, Eulipotyphla, Soricidae)

Izvolskaya M.A.[1]*, Pavlova S.V.[2], Bannikova A.A.[1]
[1] Department of Vertebrate Zoology, Moscow State University, Moscow, Russia
[2] A.N. Severtsov Institute of Ecology and Evolution of the Russian Academy of Sciences, Moscow, Russia
**e-mail: izvmariya@ya.ru*

Резюме. Получены новые сведения о хромосомном полиморфизме у тундряной бурозубки (*Sorex tundrensis* Merriam, 1900) из ряда новых локалитетов, в частности в Сибирской части России. В некоторых из них цитогенетический анализ кариотипов данного вида проведен впервые. В целом, в изученной выборке диплоидное число хромосом (2n) варьировало от 30 до 37, а 2n*A* (диплоидное число аутосом) от 28 до 35. Анализ последовательностей гена *cytB* не выявил четкого соответствия между молекулярно-генетической и кариотипической изменчивостью особей в исследованных локалитетах, однако были обнаружены различия, связанные с принадлежностью зверьков к филогруппам.
Ключевые слова: Sorex tundrensis, изменчивость кариотипа, хромосомные перестройки

Abstract. New data on chromosomal polymorphism in the tundra shrew (*Sorex tundrensis* Merriam, 1900) have been obtained from several new localities, particularly in the Siberian part of Russia. In some of these localities, cytogenetic analysis of karyotypes for this species was conducted for the first time. Overall, in the studied sample, the diploid number of chromosomes (2n) varied from 30 to 37, and 2n*a* (the diploid number of autosomes) varied from 28 to 35. Analysis of the *cytB* gene sequences did not reveal a clear correspondence between the

molecular genetic and karyotypic variability of individuals in the studied localities; however, differences related to the phylogroup membership of the animals were discovered.
Keywords: Sorex tundrensis, karyotype variability, chromosomal rearrangements

Тундряная бурозубка относится к группе видов *Sorex araneus* s.l., для которой характерна специфическая система половых хромосом, а именно XX у самок и половой тривалент XY_1Y_2 у самцов. В этой группе наиболее цитогенетически изученным видом является обыкновенная бурозубка (*Sorex araneus* Linnaeus, 1758), для которой описано не менее 76 внутривидовых хромосомных рас [1]. Изменчивость расовых кариотипов обусловлена Робертсоновскими (центрическими) слияниями (fusion) одноплечих либо разделениями (fission) двуплечих хромосом, а также за счет полноплечевых транслокаций (whole-arm translocation, WART). Хромосомные расы *S. araneus* парапатричны и каждая характеризуется определенным набором метацентрических и акроцентрических хромосом. Для тундряной бурозубки также показана кариотипическая изменчивость в различных популяциях, но приуроченности к расам выявлено не было [2]. Также до настоящего времени не существует работ, в которых приводились бы попытки соотнести генетическую и хромосомную изменчивость этого вида. По литературным данным, 2n в кариотипе *S. tundrensis* варьирует от 30 до 39, а 2n*a* от 28 до 37, причем хромосомный полиморфизм может наблюдаться даже внутри одной популяции [2]. Однако, работ детально изучающих этот вопрос о вариабельности кариотипов *S. tundrensis* одной точке ранее не проводилось.

Целью настоящей работы было получение новых данных о кариотипической изменчивости *S. tundrensis* из ранее неисследованных или малоизученных районов. Цитогенетический материал был коллекционирован в период с 2014 по 2024 год в разных регионах России. Суспензии митотических хромосом были получены прямым (непосредственно из органов зверьков) и\или неинвазийным (из взятой прижизненно биопсии и дальнейшего выращивания первичной культуры фибробластов) методами.

Всего проанализированы кариотипы 37 особей *S. tundrensis* из 9 локалитетов в Сибирской части России, в том числе из точек, которые ранее в литературе представлены не были. Так, были получены новые сведения о кариотипах *S. tundrensis* из Южного и Западного Алтая (Кош-Ага́чский и Усть-Канский районы), Северо-Восточной части Иркутской области (Киренский район) и Центральной Сибири (Туруханский район, стац. Мирное). Кроме того, были изучены кариотипы зверьков из точек, близких к тем, для которых ранее приводилась информация – Курганская область, Богучанский и Кежемский районы Красноярского края. Для всех исследуемых зверьков определено диплоидное число хромосом с помощью рутинного окрашивания препаратов суспензий митотических хромосом. Также для некоторых особей получены препараты с дифференциальным окрашиванием, где удалось определить гомологичные пары хромосом.

Цитогенетический анализ показал, что 2n варьировал от 30 до 37, а 2n*a*, соответственно, составил 28-35. После проведения дифференциальной окраски препаратов были выделены пары аутосом, в которых наблюдаются перестройки. В качестве референса нами использованы кариограммы, представленные в работе Лукашовой и соавторов [2]. Так, мы зарегистрировали разные варианты состояния хромосомных пар № 2 и № 5. У части особей они были представлены акроцентриками, тогда как у других – гомологичными метацентриками. В одном кариотипе пара № 1 была представлена как гетерозигота – метацентрик и два гомологичных акроцентрика.

Аутосомная пара № 4 у всех исследованных зверьков были представлены двумя парами акроцентриков.

В локалитетах, близких к исследуемым ранее, 2n*a* отличалось от опубликованных ранее в обзоре [2]. Так в нашем анализе, у особи из Курганской области 2n*a* = 35, (пара № 1 гетерозиготна, пары №№ 2, 4 и 5 в акроцентричном состоянии), тогда как в обзоре Лукашовой и соавторов 2n*a* = 36. У зверьков из Богучанского и Кежемского районов Красноярского края 2n*a* варьировал от 31 до 32, тогда как ранее сообщалось и о 30. Таким образом, мы расширили данные о хромосомном полиморфизме *S. tundrensis* из этих локалитетов.

Более того, получены новые данные о кариотипической изменчивости *S. tundrensis* из района Алтая, Северо-востока Иркутской области и Центральной России. В кариотипе особи из Кош-Агачского района Алтая 2n*a* = 31, из Усть-Канского района – 2n*a* = 30 (пара № 4 представлена двумя акроцентрическими парами, №№ 1, 2 и 5 – метацентрики).

В районе стационара Мирное (Туруханский район Красноярского края) впервые была исследована большая выборка *S. tundrensis* (N=24). В этой точке 2n варьировал от 30 до 33 (2n*a* = 28-31), причем на разных берегах Енисея, варианты 2n*a* у зверьков был разным: на правом 2n*a* = 28-31, а на левом 2n*a* = 28-30. С помощью дифференциальной окраски удалось выяснить, что у одной особи полиморфной была именно пара № 4.

Тундряная бурозубка *S. tundrensis* характеризуется четкой филогеографической структурой вида, внутри которого выделяется пять филогрупп с реципрокной монофилией [3, 4]. Наши данные не позволяют установить прямой связи между разнообразными гаплотипами *cytB* и кариотипами этого вида. Но интересно, что все кариотипированные зверьки за исключением одного, относятся к Южно-центральной филогруппе и имеют максимальное число 2n*a* = 32. Кариотип, составляющий исключение (Курганская обл.), относится к другой, далекой филогруппе – Западной, и заметно отличается по числу хромосом: 2n*a* = 35. Таким образом, на основе наших данных можно предположить, что различия между филогруппами *S. tundrensis* присутствуют, но этот вопрос все еще требует большего изучения [2].

Работа поддержана грантом РНФ №25-24-00863.

Список литературы

1. Searle J.B., Polly P.D., Zima J. Shrews, Chromosomes and Speciation. Cambridge: Cambridge University Press, 2019.
2. Lukáčová L., Zima J., Volobouev V. T. Karyotypic variation in *Sorex tundrensis* (Soricidae, Insectivora) // Hereditas. 1996. V. 125. №. 2-3. P. 233-238. DOI: 10.1111/j.1601-5223.1996.00233.x
3. Bannikova A. A. et al. Holarctic phylogeography of the tundra shrew (*Sorex tundrensis*) based on mitochondrial genes // Biological Journal of the Linnean Society. 2010. V. 101. №. 3. P. 721-746. DOI: 10.1111/j.1095-8312.2010.01510.x
4. Hope A. G. et al. Persistence and diversification of the Holarctic shrew, *Sorex tundrensis* (Family Soricidae), in response to climate change // Molecular ecology. 2011. V. 20. №. 20. P. 4346-4370. DOI: 10.1111/j.1365-294X.2011.05226.x

Информация об авторах:
Извольская Мария Александровна, ORCID ID 0009-0004-9733-1363
Павлова Светлана Владимировна, ORCID ID 0000-0001-7823-9618
Банникова Анна Андреевна, ORCID ID 0000-0002-5264-4065

DOI: 10.48612/altuhov/2026_01-18

Генетическая идентификация происхождения впервые зарегистрированной на территории Алтая особи шакала

Казимиров П.А.[1]*, Белоконь М.М.[1], Белоконь Ю.С.[1], Рябинина О.М.[1], Бондарев А.Я.[2], Рыжков Д.В.[3], Воронцова Е.В.[1], Карел В.В.[1], Давыдов А.В.[4], Стахеев В.В.[5], Хамчукова А.М.[6], Политов Д.В.[1]

[1]Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова Российской академии наук, Москва, Россия
[2]Алтайский государственный аграрный университет, Барнаул, Россия
[3]Алтайский государственный университет, Барнаул, Россия
[4]Федеральный научно-исследовательский центр развития охотничьего хозяйства (ФГБУ «ФНИЦ Охота»), Москва, Россия
[5]«Федеральный исследовательский центр Южный научный центр Российской академии наук» (ЮНЦ РАН), Ростов-на-Дону, Россия
[6]Республиканское государственное предприятие на праве хозяйственного ведения «Институт зоологии» Комитета науки Министерства науки и высшего образования Республики Казахстан, Алматы, Казахстан
**e-mail: farenklaw@gmail.com*

Genetic identification of origin of individual of common jackal first-time recorded in Altai Krai

Kazimirov P.A.[1], Belokon M.M.[1], Belokon Yu.S.[1], Ryabinina O.M.[1], Bondarev A.Ya.[2], Ryzhkov D.V.[3], Vorontsova E.V.[1], Karel V.V.[1], Davydov A.V.[4], Stakheev V.V.[5], Khamchukova A.M.[6], Politov D.V.[1]

[1]Vavilov Institute of General Genetics Russian Academy of Sciences, Moscow, Russia
[2]Altai State Agricultural University, Barnaul, Russia
[3]Altai State University, Barnaul, Russia
[4]Federal Research Center for Development of Hunting, Moscow, Russia
[5]Federal Research Center The Southern Scientific Center of Russian Academy of Sciences, Rostov-on-Don, Russia
[6]Republican State Enterprise on the Right of Economic Management "Institute of Zoology" of the Committee of Science, Ministry of Science and Higher Education of the Republic of Kazakhstan, Almaty, Kazakhstan
**e-mail: farenklaw@gmail.com*

Резюме. Приведены результаты генетического анализа особи шакала, добытой за пределами известного ареала на территории Угловского района Алтайского края. Подтверждена принадлежность особи к виду обыкновенный шакал, *Canis aureus* Linnaeus, 1758 по фрагменту мтДНК (материнская линия наследования) и Y-хромосомы. На основе Байесовского анализа изменчивости девяти аутосомных микросателлитных маркеров показано вероятное происхождение особи из популяции шакала, населяющей юго-восток Республики Казахстан.
Ключевые слова: обыкновенный шакал, расширение ареала, генетическая идентификация, мтДНК, Y-хромосомные молекулярные маркеры, микросателлиты, гибридизация

Abstract. We describe the results of genetic analysis of a canid individual having golden jackal traits, collected beyond the described species range in the Uglovskyi rayon of the Altai Krai (South Siberia, Russia). The species diagnosis as *Canis aureus* Linnaeus, 1758 was confirmed by mtDNA and Y-chromosome loci. Bayesian analysis of variability of nine autosomal microsatellite loci indicated that the source population for the individual was likely the common jackals inhabiting southeastern regions of the Republic of Kazakhstan.
Keywords: Golden jackal, range expansion, genetic identification, mtDNA, Y-chromosome markers, microsatellites, hybridization

Глобальное изменение климата, ведущее за собой перестройку локальных местообитаний, приводит к изменению границ ареалов множества животных. Как

правило, для обитателей южных регионов наблюдается смещение северной границы в область более высоких широт за пределы современного и даже исторического ареала, сложившегося в голоцене. Обыкновенный шакал (*Canis aureus* Linnaeus, 1758) является одним из примеров такого расселения в меридиональном направлении. Хищник, западная часть исторического ареала которого в начале XX в. была ограничена югом Европы и Кавказом, в настоящее время активно распространяется в северном направлении, занимая Центральную и Восточную Европу, во многих местах выходя на побережья Северного и Балтийского морей и достигнув Фенноскандии, Прибалтики и Беларуси [1]. На территории Русской равнины сформировалась устойчивая размножающаяся популяция в Саратовской области, а находки отдельных особей-мигрантов зафиксированы в Псковской, Владимирской и Архангельской областях и идентифицированы как шакал с помощью ДНК-анализа [2-4]. Отмечен шакал даже в Республике Коми [5]. При расселении хищник использует коридоры в виде речных долин. К востоку от Саратовской области по данным портала Млекопитающие России встречи шакала отмечены в Самарской и Оренбургской областях. В Башкирии и Курганской области находки шакала освещались в СМИ, но не зафиксированы в научной литературе и на карте rusmam.ru. Далее к востоку на юге Западной Сибири встречи шакала никогда достоверно не отмечались, однако 12 марта 2025 года появилось сообщение о добыче охотоведами вблизи села Шадруха Угловского района Алтайского края особи, которая напоминала местным жителям «гибрид волка и лисицы». Находка была зарегистрирована [6]. Особь была определена как представитель рода *Canis* с признаками фенотипа обыкновенного шакала *C. aureus* (Рисунок) и оказалась самцом возрастом не менее 5 лет (определение переданного в Музей природы Института биологии и биотехнологии АлтГУ материала Д.В. Рыжковым по состоянию зубов). По результатам секвенирования фрагмента мтДНК была подтверждена принадлежность экземпляра к виду *C. aureus* [7].



Рисунок – Обыкновенный шакал, добытый в Угловском р-не Алтайского края. Таксидермия и фото: Д.В. Рыжков.

Таким образом место добычи шакала на Алтае отделяет от известных

документированных местообитаний на российской территории расстояние около 200 км по прямой. Вид распространён южнее в Казахстане, в поймах рек Или, Каратал (басс. оз. Балхаш), Сырдарья (басс. Арала), Шу (бессточные пески Прииссыккулья), Тургай (бессточная впадина в Тургайской ложбине) и других, а также на побережье Каспийского моря (https://wild-life.kz/ru/shakal/). На севере Казахстана шакала, по мнению казахстанских специалистов, нет, в центральных районах страны его находки недостаточно документированы. Хотя от документированных местообитаний шакала, например, от устья р. Или, до Угловского района Алтайского края всё ещё около 1000 км по прямой, тем не менее, продвижение шакала на территорию Алтайского края именно с территории Казахстана представляется наиболее вероятным. В настоящем сообщении мы впервые проводим ДНК-анализ особи, добытой в Угловском районе, совместно не только с референсным биоматериалом шакалов с территории России, но и с конспецифичными особями с юга Казахстана.

Образец мышечной ткани добытого на Алтае животного, фиксированный этанолом, был передан в лабораторию популяционной генетики им. Ю.П. Алтухова ИОГен РАН осенью 2025 г. В качестве референсных образцов были использованы высушенные или фиксированные 96% этанолом фрагменты шкур и тканей шакалов из Шатайского района Чеченской республики (n=4), полученные от Д.Д. Арсанукаева, Ростовской области (n=65) (Сальский, Кагальницкий, Песчанокопский, Ремонтненский, Зерноградский, Цимлянский и Багаевский районы), предоставленные В.В. Стахеевым, Жиздринского района Калужской области (n=2) и Ростовского района Ярославской области (n=1), полученные от ФНИЦ «Охота» (от А.В. Давыдова), выборки из Алматинской области Казахстана (n=20), предоставленные А.М. Хамчуковой. Использованы также генотипы шакалов, определённые в ранее опубликованных нами работах (n=6, два из Азовского района Ростовской области, по одному из Ковровского и Меленковского районов Владимирской области) [3, 8].

Принадлежность особи из Алтайского края к *C. aureus* по материнской линии ранее была подтверждена в [7] по фрагменту контрольного региона мтДНК. Тем не менее, мы сочли целесообразным получить для неё генотип по фрагменту митохондриального гена цитохрома *b* с использованием универсальных праймеров MVZ04 и MVZ05. Не исследованная ранее видовая принадлежность по отцовской линии (особь является самцом) определялась по наличию или отсутствию инсерции в гене белка цинкового пальца на Y-хромосоме с использованием праймеров YintF2, YintR, и Yint2-335. Для определения происхождения особи-мигранта был проведён анализ выборки по девяти аутосомным микросателлитным локусам *(FH2096, vWFX, FH2079, PEZ17, FH2054, FH2010, FH2001, FH2328, PEZ16*), объединённым в мультиплексную панель для анализа на капиллярном ДНК-секвенаторе (Нанофор-5, Синтол, Россия).

Анализ Y-хромосомы подтвердил принадлежность исследуемой особи к виду *C. aureus* по отцовской линии, исключая таким образом возможность принадлежности её к гибридам первого поколения. По результатам секвенирования митохондриальной ДНК была получена последовательность длиной 419 п.н., идентичная по перекрывающемуся региону гаплотипу, определённому нами ранее для шакалов, добытых в Ростовской и Владимирской областях (номера последовательностей в GenBank PQ723763, PQ726764, PP166661–PP166664).

Байесовский анализ происхождения исследуемой особи в программе GeneClass2 на основе микросателлитных локусов показал более вероятную принадлежность её к

казахстанской популяции (64,02–77,95% против 35,97–22,05% для европейской популяции в зависимости от использованного метода). При этом анализ с применением цепей Монте-Карло не показал статистически значимой вероятности отнесения к какой-либо из популяций, вероятно из-за малого числа использованных локусов и относительно небольшой выборки.

Дискриминантный анализ главных компонент (DAPC, пакет adegenet для среды R) и байесовский анализ популяционной структуры (STRUCTURE, Structure Selector, CLUMPAK) также показали меньшую степень генетической дифференциации алтайской особи от представителей популяции Казахстана, чем от европейских. При этом стоит отметить значительную степень перекрывания облаков рассеяния казахстанских и европейских шакалов, что скорее всего связано с активной миграцией (вероятно, двунаправленной) вдоль северного берега Каспия и далее вдоль водных систем Казахстана. В то же время, по результатам анализа STRUCTURE исследуемая особь имеет практически чистое происхождение из характерного для востока Казахстана генетического кластера, с незначительной примесью «европейского» кластера, что указывает на то, что её скорее всего не затронули данные процессы потока генов.

Таким образом, полученные результаты позволяют подтвердить принадлежность добытой на территории Алтая особи к виду *Canis aureus*, как по материнской, так и по отцовской линии, а также сделать предварительный вывод о её происхождении из резидентной популяции шакалов юго-востока Казахстана, что на данном этапе отвергает альтернативную гипотезу дальних миграций с юга европейской части России. Планируется продолжение исследования описанных популяций шакала с расширением набора выборок и ДНК-маркеров.

Список литературы

1. Хейдорова Е.Э., Шпак А.В., Гомель К.В., Сидорович В.Е., Демянчик В.В., Прокопчук В.В., Никифоров М.Е. Молекулярно-генетическая идентификация инвазивного вида – шакала азиатского (*Canis aureus*) на территории Беларуси // Доклады Национальной академии наук Беларуси. – 2018. – Т. 62. – № 1. – С. 86–92. DOI: 10.29235/1561-8323-2018-62-1-86-92.
2. Кораблёв Н.П., Цветков И.Н., Кораблёв П.Н., Кораблёв М.П. Первая находка шакала *Canis aureus* в Псковской области - причины и последствия // Российский журнал биологических инвазий. – 2024. – Т. 17. – № 1. – С. 36–48. DOI: 10.35885/1996-1499-17-1-36-48.
3. Политов Д.В., Рябинина О.М., Давыдов А.В., Моргунов Н.А., Казимиров П.А. Свидетельства экспансии южного хищника на север: Генетическая идентификация обыкновенного шакала, *Canis aureus* L. из Центрального Нечерноземья и обзор динамики его ареала в исторический период // Известия Российской академии наук. Серия биологическая. – 2025. № 4. – P. 385–396. DOI: 10.31857/S1026347025040035.
4. Rykov, A.M., Kuznetsova, A.S. & Tirronen, K.F. The first record of the golden jackal (*Canis aureus* Linnaeus, 1758) in the Russian Subarctic // Polar Biology. 2022. V. 45, P. 965–970. https://doi.org/10.1007/s00300-022-03037-0
5. Неизвестен 2022. *Canis aureus*. https://rusmam.ru/data/view?id=193829. Млекопитающие России. Загружено: Дмитрий Скуматов 24.03.2022.
6. Яковлев Р.В., Мацюра А.В. 2025. *Canis aureus*. https://rusmam.ru/data/view?id=327401. Млекопитающие России. Загружено: Мирослав Кораблёв 06.10.2025
7. Кораблёв М.П., Мацюра А.В., Рыжков Д.В., Яковлев Р.В. Первая достоверная находка шакала *Canis aureus* в Алтайском крае // Млекопитающие в меняющемся мире: актуальные проблемы териологии. Материалы конференции с международным участием. – Москва: Товарищество научных изданий КМК, 2026. – С. 197.
8. Казимиров П.А., Белоконь Ю.С., Белоконь М.М., Мишин А.С., Стахеев В.В., Яровенко Ю.А., Яровенко А.Ю., Политов Д.В. Генетическая диагностика предполагаемых гибридов волка и обыкновенного шакала // Генетика. – 2024. – V. 60, № 6. – P. 72-80. DOI:10.31857/S0016675824060073

Информация об авторах:
Казимиров Петр Алексеевич, ORCID ID 0009-0009-4792-3121
Белоконь Марьяна Михайловна, ORCID ID 0000-0003-1642-5225
Белоконь Юрий Сергеевич, ORCID ID 0000-0003-4880-2160
Рябинина Ольга Михайловна, ORCID ID 0000-0003-2309-5324
Бондарев Александр Яковлевич
Рыжков Дмитрий Викторович, ORCID ID 0009-0006-7309-1072
Воронцова Елизавета Викторовна, ORCID ID 0009-0008-1531-2652
Карел Виктория Викторовна, ORCID ID 0009-0004-7769-3885
Давыдов Андрей Васильевич, ORCID ID 0009-0002-4212-7803
Стахеев Валерий Владимирович, ORCID ID 0000-0002-5310-1732
Хамчукова Анна Михайловна, ORCID ID 0000-0002-6301-1810
Политов Дмитрий Владиславович, ORCID ID 0000-0003-1569-5565

DOI: 10.48612/altuhov/2026_01-19

Первые данные о митохондриальной изменчивости русской выхухоли *Desmana moschata* (L., 1758) на основе анализа баркодингового участка гена *COI*

Капустина С.Ю.[1]*, Еськова К.А.[1], Банникова А.А.[2]
[1]Институт биологии развития им. Н.К. Кольцова РАН, Москва, Россия
[2]Биологический факультет Московского государственного университета им. М.В. Ломоносова, Москва, Россия
**e-mail: svetkapust@gmail.com*

First data on the molecular genetic variation of the Russian desman *Desmana moschata* (L., 1758) based on the analysis of the *COI* barcoding gene fragment

Kapustina S.Yu.[1]*, Es'kova K.A.[1], A.A. Bannikova[2]
[1] Koltzov Institute of Developmental Biology of Russian Academy of Sciences, Moscow, Russia
[2] Faculty of Biology, Lomonosov Moscow State University, Moscow, Russia
**e-mail: svetkapust@gmail.com*

Резюме. Русская выхухоль (*Desmana moschata* Linnaeus, 1758) – ранее широко распространенный, а ныне исчезающий реликтовый вид, требует пристального внимания и всестороннего изучения для адекватного проведения охранных мероприятий. Нами разработана система праймеров для работы с исторической ДНК выхухоли. Получены нуклеотидные последовательности фрагмента гена цитохромоксидазы I (*COI*, 579 п.н.) для 10 особей из разных частей ареала. Обнаружены различия между популяциями разных рек.
Ключевые слова: филогеография, митохондриальная ДНК, структура вида, Talpidae, фауна Европейской части России.

Abstract. The Russian desman (*Desmana moschata* Linnaeus, 1758), once widely distributed but now an endangered relict species, requires close attention and comprehensive study for the effective implementation of conservation measures. We have developed a system of primers for working with historical DNA of the desman. Nucleotide sequences of a cytochrome c oxidase subunit I gene fragment (*COI*, 579 bp) were obtained for 10 individuals from different parts of the range. Differences between populations of various rivers were observed.
Keywords: phylogeography, mitochondrial DNA, species structure, Talpidae, fauna of the European Russia

Русская выхухоль (*Desmana moschata* L., 1758) – реликтовое полуводное

млекопитающие, до начала XX века активно добываемое как ценный пушной зверь. Со второй половины XX в. численность русской выхухоли стала стремительно сокращаться и в настоящий момент оценивается в несколько тысяч особей, а ареал вида сильно фрагментирован [1]. Выхухоль занесена в Красные книги всех рангов, в том числе в Список угрожаемых видов МСОП и Красную книгу РФ с наивысшими категориями статуса редкости, как вид, находящийся под угрозой исчезновения.

Исследования демографической истории русской выхухоли на основе двух полных геномов выявилили самый низкий уровень гетерозиготности этого вида относительно всех других кротовых, и указывают на постепенное, длительном и неуклонное снижении его эффективной численности [2], которое началось задолго до антропогенного вмешательства, сильно усугубившего ситуацию. Несмотря на повышенное внимание к русской выхухоли (охранные мероприятия, работы по мониторингу численности и т.п.), генетическая изменчивость и филогеография этого вида совершенно не изучены. Эти данные необходимы для комплексной оценки состояния вида и разработки адекватных мер по его охране.

Для пилотной оценки уровня генетического разнообразия митохондриального генома и филогеографической структуры русской выхухоли, нами была разработана система праймеров для работы с исторической ДНК и впервые получены нуклеотидные последовательности фрагмента митохондриального гена цитохромоксидазы I (579 п.н.) для 10 особей из разных частей ареала. Были использованы образцы из фондов Зоологического музея, кафедры биогеографии МГУ и УНУ «Коллекции тканей диких животных для генетических исследований», ИБР РАН, также в анализ вошла единственная аналогичная последовательность, опубликованная ранее. В исследованной выборке найдено пять гаплотипов, обусловленные четырьмя синонимичными транзициями, позволяющими впервые выявить внутривидовое разнообразие, по-видимому, обусловленное как различиями между популяциями Волжского и Донского речных бассейнов, так и неоднородностью в пределах каждой из них.

Полученные результаты указывают на необходимость и перспективность продолжения исследований молекулярно-генетической изменчивости этого уникального вида.

Дальнейшие исследования состояния и динамики генетической изменчивости этого вида требуют привлечения данных по репрезентативной географической выборке современных и исторических (на основе музейных материалов) образцов. Это позволит адекватно оценить изменения структуры вида в масштабе времени и сформулировать рекомендации по его сохранению.

Работа выполнена в рамках темы госзадания ИБР РАН № 0088-2024-0011.

Список литературы

1. Rutovskaya M., Gazzard A., Turvey S.T. *Desmana moschata* (Europe assessment) // The IUCN Red List of Threatened Species. 2024. e.T6506A227227712. https://dx.doi.org/10.2305/IUCN.UK.2024-2.RLTS.T6506A227227712.en
2. Kosushkin S.A., Sharko F., Lebedev V. et al. Genome sequencing uncovers the history of the Russian desman's gradual population decline and contributes to the evolutionary history of Talpidae // BMC Ecology and Evolution. 2026. https://doi.org/10.1186/s12862-026-02492-1

Информация об авторах:
Капустина Светлана Юрьевна, ORCID ID 0000-0002-4517-0738
Еськова Ксения Андреевна, ORCID ID 0000-0002-4517-0738
Банникова Анна Андреевна, ORCID ID 0000-0002-5264-4065

DOI: 10.48612/altuhov/2026_01-20

Выявление с использованием методов биоинформатики однонуклеотидных замен (SNP) в геноме домашней собаки (*Canis lupus familiaris*) для дифференциации породы немецкая овчарка

Кипень В.Н.*
Институт генетики и цитологии НАН Беларуси, Минск, Республика Беларусь
**e-mail: v.kipen@igc.by*

Identification of single nucleotide substitutions (SNPs) in the genome of the domestic dog (*Canis lupus familiaris*) using bioinformatics methods for differentiation of the German Shepherd breed

Kipen V.N.*
Institute of Genetics and Cytology of NAS of Belarus, Minsk, Belarus
**e-mail: v.kipen@igc.by*

Резюме. С использованием методов биоинформатического (SRA-Blast, GENIS) и статистического анализа (ROC-анализ, многофакторное сокращение размерности – MDR) на выборке из 253 геномов *Canis lupus familiaris* выявлены однонуклеотидные полиморфизмы, способные с точностью не менее 95% классифицировать собак породы немецкая овчарка от других пород (сибирский хаски, колли, акита, кане-корсо, маламут, лабрадор-ретривер, ротвейлер).
Ключевые слова: генотипирование in silico, геном, *Canis lupus familiaris*, немецкая овчарка, классификация

Abstract. Using bioinformatics (SRA-Blast, GENIS) and statistical analysis (ROC analysis, multivariate dimensionality reduction - MDR) on a sample of 253 *Canis lupus familiaris* genomes, single nucleotide polymorphisms were identified that can classify German Shepherd dogs from other breeds (Siberian Husky, Collie, Akita, Cane Corso, Malamute, Labrador Retriever, Rottweiler) with at least 95% accuracy.
Keywords: in silico genotyping, genome, *Canis lupus familiaris*, German Shepherd, classification

Введение. Актуальность выявления молекулярно-генетических маркеров, ассоциированных с наследственными заболеваниями и породной чистотой у представителей породы немецкая овчарка (*Canis lupus familiaris*), обусловлена совокупностью зоотехнических и ветеринарных факторов, формирующих запрос на внедрение молекулярно-генетических подходов в практику служебной кинологии и племенного разведения.

Немецкая овчарка, как одна из наиболее востребованных пород, широко задействована в служебном собаководстве, поисково-спасательных операциях и социальной адаптации, что предъявляет повышенные требования к фенотипической стабильности, предсказуемости поведенческих характеристик и уровню здоровья животных [1]. При этом интенсивная селекция, нередко сопряженная с ограниченным генофондом и инбридингом, способствует накоплению патогенных аллелей, детерминирующих развитие тяжелых наследственных патологий – в первую очередь, дисплазии суставов [2] и дегенеративной миелопатии [3], существенно снижающих качество жизни собак и ограничивающих их функциональное долголетие.

Идентификация высокоинформативных SNP-маркеров (SNP, Single Nucleotide Polymorphism), позволяющих объективно верифицировать породную принадлежность,

приобретает важное значение в контексте элиминации фенотипического сходства между чистыми породами и метисами, поскольку традиционные методы идентификации, опирающиеся на экстерьерные признаки и документальное сопровождение, порой не обеспечивают необходимой степени достоверности и подвержены субъективной интерпретации.

Следует отметить, что интеграция биоинформатических подходов, включая *in silico* генотипирование на основе данных полногеномных проектов по секвенированию геномов собак различных пород и анализ репрезентативных выборок из публичных репозиториев (баз данных, содержащих файлы с «сырыми» результатами NGS), а также использование статистических методов позволит создать собственную методологическую основу для разработки моделей дифференциации пород и выявления ассоциаций между конкретными генетическими вариантами и клиническими фенотипами, что открывает возможности для прогностического скрининга на досимптоматической стадии и формирования генетически сбалансированных племенных популяций**.**

Цель настоящего исследования – установить комплекс информативных молекулярно-генетических маркеров (SNP), позволяющих дифференцировать собак породы немецкая овчарка от других целевых пород (сибирский хаски, колли, акита, кане-корсо, маламут, лабрадор-ретривер, ротвейлер).

Материалы и методы. В биоинформатический анализ включены геномы следующих пород собак: немецкая овчарка (n=59; ERR12766427, ERR12766429, ERR15158352, ERX10665925, ERX12139580, ERX12139582, ERX14563707, ERX14563708, ERX14563713, ERX14563718, ERX14563720, SRR10077554, SRR10441638, SRR10441639 и др.), сибирский хаски (n=10), колли (n=89), акита (n=10), кане-корсо (n=7), маламут (n=5), лабрадор-ретривер (n=52), ротвейлер (n=21). Геномы расположены в открытом доступе в базе данных SRA-NCBI [https://www.ncbi.nlm.nih.gov/sra] и доступны для скачивания. Преобразование в формат fastaq осуществляли с использованием SRA Toolkit. Для автоматизации процесса поиска нуклеотидных последовательностей, фланкирующих искомый аллель, разработана программа GENIS (GENotyping In Silico) [4] и автоматизирован алгоритм SRA-BLAST с использованием скрипта на языке программирования Python. Определен генотип для 3102 SNP, случайным образом извлеченным из массива SNP из Axiom™ Canine HD Array (Thermofisher) и закодированных по принципу: «SNP / нуклеотидная замена / уникальный порядковый номер». Для оценки индивидуального дифференцирующего потенциала SNP использовали ROC-анализ, совокупный дифференцирующий потенциал оценивали с использованием логистической регрессии в SPSS v.20.

Результаты и обсуждение. На основании результатов генотипирования *in silico* определен перечень из восьми SNP с наибольшим значением AUC (Area Under the Curve), по данным ROC-анализа: SNP_AC_117, SNP_AC_160, SNP_AC_165, SNP_AC_365, SNP_AC_05416, SNP_AG_00435, SNP_AG_01689, SNP_AG_02448. Значения AUC находились в диапазоне 0,762-0,931. На Рисунке приведена информация из MDR.3.0.2. о параметре H (%): чем его значение выше, тем лучше SNP классифицирует две группы (группа 1 – «немецкая овчарка», группа 2 – «другие породы собак») между собой.

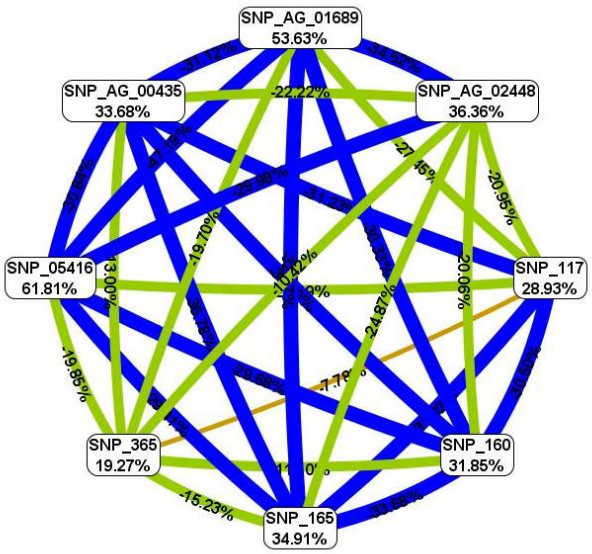


Рисунок – Круговой график (Circle Graph), отражающий вклад каждого SNP в классификацию групп.

Совокупный анализ SNP_AC_165 (ID Axiom™ Canine HD Array – AX-167394244), SNP_AC_05416 (AX-167551911), SNP_AG_01689 (AX-168137973), SNP_AG_02448 (AX-167527024) позволит с точностью не менее 95% классифицировать две группы (группа 1 – «немецкая овчарка», группа 2 – «другие породы собак») между собой. В «группе 1» верно классифицированы 58 из 59 животных, в «группе 2» – 193 из 195 животных.

Заключение. Используемый биоинформатический алгоритм (GENIS > SRA-Blast > MDR / ROC > LOGREG) в очередной раз продемонстрировал свою результативность для отбора высокоинформативных SNP для дифференциации групп. Полученные данные будут валидированы на образцах из Беларуси и России, а также будут использованы для оценки гетерогенности выборки собак породы немецкая овчарка для последующего NGS для поиска мутаций, ассоциированных с генетически детерминированными наследственными заболеваниями, характерными для этой породы собак.

Список литературы

1. Немецкая овчарка [Электронный ресурс] // Официальный сайт Государственного племенного кинологического центра Республики Беларусь. – Режим доступа: https://kinolog.gpk.gov.by/porody/nemetskaya-ovcharka/. – Дата доступа: [17-06-2026]
2. Schachner E.R., Lopez M.J. Diagnosis, prevention, and management of canine hip dysplasia: a review. Vet Med (Auckl). 2015 May 19;6:181-192. doi: 10.2147/VMRR.S53266. PMID: 30101105; PMCID: PMC6070021.
3. OMIA:000263-9615: Degenerative myelopathy in Canis lupus familiaris (dog) [Электронный ресурс] // Online Mendelian Inheritance in Animals (OMIA). – Режим доступа: https://www.omia.org/OMIA000263/9615/. – Дата доступа: [17-06-2026].
4. GENIS – методологический подход для генотипирования in silico (апробация на результатах секвенирования для Sus scrofa) / В.Н. Кипень, Е.В. Снытков // Математическая биология и биоинформатика. 2024;19(1):36-51. doi: 10.17537/2024.19.36

Информация об авторе:
Кипень Вячеслав Николаевич, ORCID ID 0000-0002-7822-0746

DOI: 10.48612/altuhov/2026_01-21

Первая оценка популяционно-генетических характеристик дальневосточного лесного кота (*Prionailurus bengalensis euptilurus*) в Южном Приморье

Кораблёв М.П.[1]*, Блидченко Е.Ю.[2], Матюхина Д.С.[2], Ячменникова А.А.[1], Рожнов В.В.[1]**
[1]*Институт проблем экологии и эволюции им. А.Н. Северцова РАН, Москва, Россия*
[2]*ФГБУ «Земля леопарда», Владивосток, Россия*
*e-mail: *mir-kor@yandex.ru, **rozhnov-v-2015@yandex.ru*

First assessment of population-genetic characteristics of the Amur leopard cat (*Prionailurus bengalensis euptilurus*) in Southern Primorye

Korablev M.P.[1]*, Blidchenko E.Yu.[2], Matyukhina D.S.[2], Yachmennikova A.A.[1], Rozhnov V.V.[1]**
[1] *A.N. Severtsov Institute of Ecology and Evolution, Russian Academy of Sciences, Moscow, Russian Federation*
[2] *Land of the Leopard National Park, Vladivostok, Russian Federation*
*e-mail: *mir-kor@yandex.ru, **rozhnov-v-2015@yandex.ru*

Резюме. Впервые проведено исследование генетической изменчивости популяции дальневосточного лесного кота на территории России на основании анализа 12 полиморфных микросателлитных локусов. Показано, что изученная популяция характеризуется умеренным уровнем генетического разнообразия, свойственным другим популяциям подвида. Не выявлено признаков генетической структурированности популяции в пределах южной части Приморского края.
Ключевые слова: бенгальская кошка, Дальний Восток, генетическое разнообразие

Abstract. A study of the genetic variability of the Amur leopard cat population in Russia was conducted for the first time based on the analysis of 12 polymorphic microsatellite loci. The studied population was shown to exhibit a moderate level of genetic diversity, characteristic of other populations of the subspecies. No signs of genetic structuring within the population in the southern part of Primorsky Krai were detected.
Keywords: Bengal cat, Far East, genetic diversity

Дальневосточный лесной кот (*Prionailurus bengalensis euptilurus* Elliot, 1871), представляющий собой северный подвид материковой бенгальской кошки, распространен в северо-восточном Китае, на Корейском полуострове, Дальнем Востоке России, а также на островах Тайвань, Цусима и Ириомотэ. В России основной ареал хищника охватывает равнинные и предгорные пространства южного и юго-западного Приморья, где отмечается его наибольшая плотность. С меньшей частотой вид распространен вдоль побережья Японского моря, в северо-западной части Приморского края и на юге Хабаровского края (Туманов, 2009; Юдин, 2015; Олейников и др., 2020). В виде локальных очагов встречается на юге Еврейской АО (Ткаченко, 2017, 2023), а также в левобережной долине р. Амур на юге Амурской обл., где, по-видимому, формирует северную границу своего распространения (Дугинцов, 2022; Дугинцов, Логунов, 2026).

Представления об исторической и современной динамике численности вида в нашей стране противоречивы и во многом основываются на косвенных оценках (Уфыркина и др., 2022). Вместе с тем анализ материалов из разных источников свидетельствуют о резком сокращении популяции в 1950–1970-х гг. практически на порядок и продолжающемся негативном тренде в 2000–2010-х гг. (Туманов, 2009; Юдин, 2015). Причины столь драматичного снижения численности могут заключаться в усилении антропогенного

давления как на самого хищника, так и на основные виды жертв, а также в сочетании неблагоприятных абиотических факторов, более резко проявляющихся в последние десятилетия (Юдин, 2015; Уфыркина и др., 2022). В свете риска дальнейшего сокращения популяции и того факта, что в России подвид обитает на северном пределе ареала, было предложено включить *P. b. euptilurus* в Красную книгу Российской Федерации (Уфыркина и др., 2022), что, однако, не было поддержано.

Для понимания состояния популяции дальневосточного лесного кота и оценки пригодности местообитаний необходим регулярный экологический мониторинг (Уфыркина и др., 2022). Выработка дальнейших мер по сохранению и управлению видом возможна только при наличии детальной информации о популяционных параметрах, среди которых одним из важнейших является генетическое разнообразие. В настоящее время актуальные научные данные о коте на Дальнем Востоке России (далее – ДВ) носят спорадический несистемный характер, а оценка генетического разнообразия никогда не проводилась.

В настоящем сообщении мы представляем результаты впервые выполненного исследования генетической изменчивости российской популяции *P. b. euptilurus* на основе репрезентативной выборки образцов, собранных на юге Приморского края.

В исследование вошли образцы от 42 особей, преимущественно погибших под колесами автомобилей. В качестве материалов для анализа брали мышечные ткани или фрагменты кожи, помещая их в индивидуальные пробирки с 96% этанолом. Места сбора материала представлены на рисунке. В качестве сравнительной выборки в анализ были включены образцы *P. b. bengalensis* из Вьетнама (n = 4), полученные из коллекции Зоологического музея МГУ.

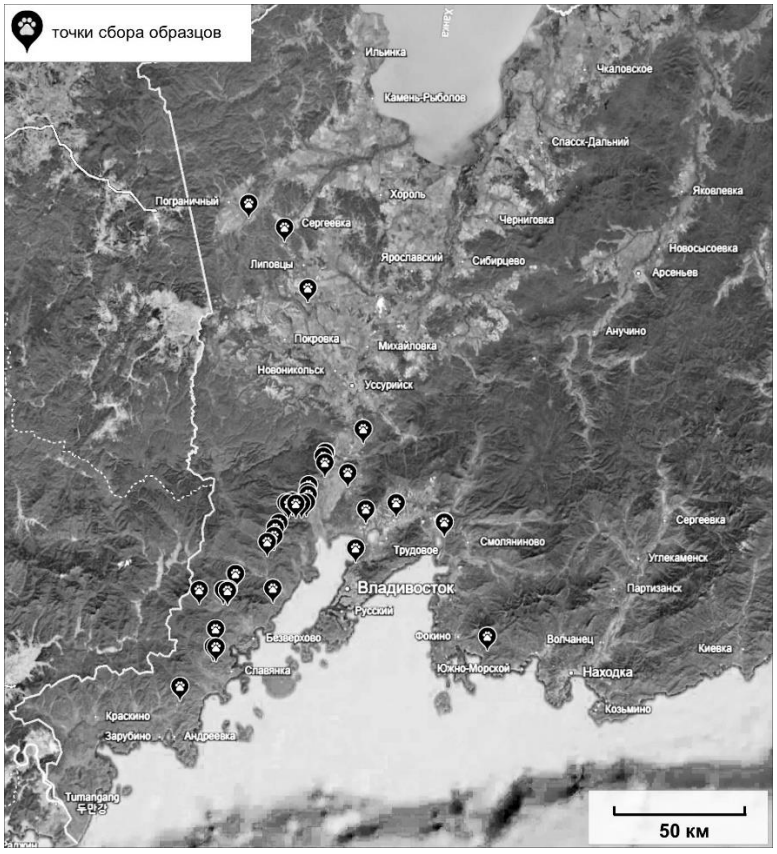


Рисунок – Карта района исследования и мест сбора образцов.

Генетическая изменчивость оценена на основании анализа 12 полиморфных микросателлитных локусов, специально разработанных для *P. bengalensis*: Pbe01_M,

Pbe02_M, Pbe03_M, Pbe05_M, Pbe06_M, Pbe09_M, Pbe10_M, Pbe13_M, Pbe15_M, Pbe26_M, Pbe31_M, Pbe32_M (Ito et al., 2019).

Все локусы были полиморфны и содержали от 2 до 7 аллелей в выборке ДВ (среднее 3.58 ± 1.68) и 2–5 аллелей в выборке из Вьетнама (среднее 2.67 ± 1.07). Уровень ожидаемой и наблюдаемой гетерозиготности составил H_e = 0.47 ± 0.06 и H_o = 0.44 ± 0.02 для ДВ и H_e = 0.54 ± 0.07 и H_o = 0.48 ± 0.07 для Вьетнама. Показатель аллельного разнообразия, нормированный на минимальный размер выборки (n = 4), составил A_R = 2.42 ± 0.21 для ДВ и A_R = 2.67 ± 0.31 для Вьетнама. Среднее значение коэффициента инбридинга в выборке ДВ оказалось невысоким и статистически не достоверным (F_{IS} = 0.063, p = 0.098).

Байесовская кластеризация особей в программе STRUCTURE, так же как и анализ главных координат (PCoA), не выявили каких-либо сигналов генетической структуры в дальневосточной популяции кота.

Полученные нами базовые популяционно-генетические параметры сопоставимы с аналогичными показателями популяции *P. b. euptilurus*, населяющей Южную Корею (H_o = 0.41, среднее число аллелей 3.8 (Ko et al., 2018). Подобным образом, в цитированном исследовании не выявлено генетической структурированности популяции, несмотря на наличие широкой автомагистрали, рассекающей ареал на две равные части. В нашем исследовании часть образцов (n = 6) была собрана восточнее от автомагистрали Владивосток-Хабаровск, в то время как остальная выборка – западнее трассы. Как в настоящей работе, так и в исследовании Ko et al. (2018) не выявлено генетической подразделенности популяции, что свидетельствует об отсутствии значимого влияния линейной инфраструктуры такого масштаба на миграции особей. Выявленный нами уровень генетического разнообразия котов ДВ оказался ниже, чем во вьетнамской выборке, несмотря на гораздо меньший размер последней, что согласуется с результатами сравнительного анализа мтДНК *P. bengalensis* с Корейского полуострова и из Юго-Восточной Азии (Tamada et al., 2008; Ko et al., 2022).

В целом можно заключить, что генетическое разнообразие лесного кота ДВ соответствует уровню полиморфизма, свойственному материковым популяциям *P. b. euptilurus*. Отсутствие генетической подразделенности популяции в совокупности с низким показателем инбридинга может указывать на эффективную панмиксию и низкую фрагментированность популяции на изученной территории. Вместе с тем, для выяснения статуса малочисленных группировок в Приамурье и формирования детальной картины генетической изменчивости на российской части ареала необходимо продолжение исследований с расширением географии сбора материала и спектра применяемых молекулярно-генетических маркеров.

Информация об авторах:
Кораблёв Мирослав Павлович, ORCID ID 0000-0002-6943-7142
Блидченко Екатерина Юрьевна, ORCID ID 0000-0002-3046-4602
Матюхина Дина Сергеевна, ORCID ID 0000-0001-7107-5876
Ячменникова Анна Андреевна, ORCID ID 0000-0001-5780-3849
Рожнов Вячеслав Владимирович, ORCID ID 0000-0002-2142-0763

DOI: 10.48612/altuhov/2026_01-22

Генетическая идентификация и анализ внутрипопуляционной изменчивости дрозофилид Валдайской возвышенности

Кошерова К.А., Муха Д.В.*
Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова Российской академии наук, Москва, Россия
**e-mail: dmitryVmukha@gmail.com*

Genetic identification and analysis of intrapopulation variability of Drosophilida of the Valday Hills

Kosherova K.A., Mukha D.V.*
Vavilov Institute of General Genetics, Russian Academy of Sciences, Moscow, Russia
**e-mail: dmitryVmukha@gmail.com*

Резюме. Исследование линий *Drosophila funebris*, полученных от индивидуальных самок из одной географической локации — Валдайской возвышенности, — выявило ранее не описанный внутрипопуляционный полиморфизм: часть линий характеризовалась повышенной чувствительностью к встряхиванию. Для сравнительного анализа «падучих» мух и мух с обычным фенотипом были проведены транскриптомный и липидомный анализы. Наследование описанного признака изучено с помощью генетического анализа. Полученные результаты обсуждаются в контексте теории генетического мономорфизма.
Ключевые слова: Drosophila funebris, внутрипопуляционный полиморфизм, транскриптомный и липидомный анализы, чувствительность к встряхиванию, теория генетического мономорфизма

Abstract. A study of *Drosophila funebris* lines established from individual females collected at a single geographic location — the Valday Hills — revealed a previously undescribed intrapopulation polymorphism: a subset of lines exhibited increased sensitivity to mechanical shaking (bang sensitivity). Transcriptomic and lipidomic analyses were performed to compare "bang sensitive" flies with flies displaying the normal phenotype. Inheritance of the described trait was investigated by genetic analysis. The results obtained are discussed in the context of the theory of genetic monomorphism.
Keywords: Drosophila funebris, intrapopulation polymorphism, transcriptome and lipidomic analyses, sensitivity to shaking, theory of genetic monomorphism

Теория генетического мономорфизма, сформулированная академиком Юрием Петровичем Алтуховым, предполагает, что механизм видообразования заключается не в адаптивной дивергенции популяций, а в крупных геномных реорганизациях, происходящих в процессе онтогенеза единичной особи (или малого числа особей), с последующей репродуктивной изоляцией потомков этих особей [1-3]. В этой связи, анализ внутрипопуляционной изменчивости живых организмов представляет особый интерес, так как может позволить выявить первые этапы сальтационных преобразований генома, приводящих к формированию новых признаков, и возникновению репродуктивной изоляции, необходимой для эволюционного закрепления этих признаков.

На протяжении более 10 лет нами проводились ежегодные сборы дрозофилид в районе Валдайского озера. Описано 13 видов насекомых рода *Drosophila*, относящихся ко всем трем известным подродам этого рода: *Sophophora* (*D. melanogaster*, *D. obscura*, *D. subobscura*, *D. bifasciata*), *Drosophila* (*D. immigrans*, *D. funebris*, *D. testacea*, *D. transversa*, *D. phalerata*, *D. histrio*, *D. hydei*, *D. mercatorum*) и *Dorsilopha* (*D. busckii*). Кроме того, описаны два вида рода *Chymomyza* (*C. costata* и *C. amoena*) и *Scaptomyza* (*Parascaptomyza*)

pallid. Генетическую идентификацию дрозофилид проводили посредством сравнения последовательностей нуклеотидов протяженных фрагментов гена *COI* митохондриальной ДНК насекомых, согласно рекомендациям централизованной биоинформатической платформы для анализа данных о биоразнообразии на основе ДНК: The Barcode of Life Data Systems (BOLD) (www.barcodinglife.org) [4]. В работе использовали только полученные от индивидуальных самок (ИС) линии мух, которые удавалось поддерживать в лабораторных условиях. В настоящее время каждый описанный нами вид дрозофилид поддерживается в Лаборатории генетических основ биоразнообразия ИОГен РАН и представлен как минимум тремя ИС линиями.

В докладе особое внимание будет уделено ИС линиям мух *D. funebris*, которые обладают рядом уникальных особенностей, в частности, одна из ИС линий чувствительна к встряхиванию – мухи впадают в оцепенение при легкой встряске пробирки и «оживают» спустя несколько минут. Предполагается, что данная линия может служить моделью для изучения молекулярно-генетических механизмов, лежащих в основе танатоза и его эволюционной изменчивости. Известно, что танатоз – "замирание" организма при опасности – является важным адаптивным признаком, характерным для многих насекомых [5] – например, палочников (*Phasmatodea*), жуков-пилюльщиков (*Byrrhidae*), личинок муравьиных львов (*Euroleon nostras*) и др.; описаны чувствительные к встряхиванию линии *D. melanogaster*.

Сравнительный транскриптомный анализ мух «дикого» типа и «падучих» мух выявил значительные отличия в уровне транскрипции многих генов – для 61 гена показано изменение уровня экспрессии более чем в два раза. Показано, что эти гены могут регулировать различные метаболические и сигнальные клеточные пути, в частности, метаболизм липидов. Описаны количественные изменения состава липидов, представленных в головах исследуемых мух. Показано, что у «падучих» мух более чем вдвое снижен уровень ряда диацилглицеролов — предшественников мембранных фосфолипидов, — а также кардиолипинов и фосфатидилэтаноламинов, являющихся структурными компонентами мембран органелл нервных клеток.

Таким образом, нами показано, что сальтационное изменение уровня экспрессии нескольких десятков генов *D. funebris*, коррелирует с возникновением нового признака – чувствительностью к встряхиванию. Кроме того, было показано, что описанное комплексное изменение транскрипционной активности генов у чувствительных к встряхиванию мух сопряжено с возникновением репродуктивной изоляции: потомки от скрещивания мух «дикого» типа и «падучих» мух не дают жизнеспособного потомства.

Мы полагаем, что выявленные в валдайской популяции мухи *D. funebris*, обладающие описанным особым фенотипом, являются потомками от дисгенетического скрещивания (гибридный дисгенез, hybrid dysgenesis) — особого типа скрещиваний, при котором потомство демонстрирует комплекс генетических нарушений: повышенную частоту мутаций, хромосомные аберрации, нерасхождение хромосом и половую стерильность [6]. Данное предположение находится в стадии экспериментальной проверки.

Список литературы

1. Алтухов Ю.П., Рычков Ю.Г. Генетический мономорфизм видов и его возможное биологическое значение // Журнал общей биологии. — 1972. — Т. 33, № 3. — С. 281–300.
2. Altukhov Y.P. (1982). Biochemical population genetics and speciation. Evolution, 36(6), 1168–1181.
3. Altukhov Y.P. Intraspecific Genetic Diversity: Monitoring, Conservation and Management. Berlin–Heidelberg: Springer Verlag, 2005. 438 p.

4. Ratnasingham S., Wei C., Chan D., et al. BOLD v4: A centralized bioinformatics platform for DNA-based biodiversity data // DNA barcoding: methods and protocols. New York, NY: Springer US. 2024. P. 403–441. doi.org/10.1007/978-1-0716-3581-0_26
5. Humphreys RK, Ruxton GD. A review of thanatosis (death feigning) as an anti-predator behaviour. Behav Ecol Sociobiol. 2018;72(2):22. doi: 10.1007/s00265-017-2436-8.
6. Kidwell MG, Kidwell JF, Sved JA. Hybrid Dysgenesis in DROSOPHILA MELANOGASTER: A Syndrome of Aberrant Traits Including Mutation, Sterility and Male Recombination. Genetics. 1977 Aug;86(4):813-33. doi: 10.1093/genetics/86.4.813.

Информация об авторах:
Кошерова Карина Амуровна, ORCID ID 0000-0001-5699-9878
Муха Дмитрий Владимирович, ORCID ID 0000-0002-7380-0776

DOI: 10.48612/altuhov/2026_01-23

Мейотический хеликазный комплекс как регуляторная система в профазе I мейоза

Матвеевский С.Н.*
Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова РАН, Москва, Россия
**e-mail: sergey8585@mail.ru*

Meiotic helicase complex as a regulatory system in meiotic prophase I

Matveevsky S.N.*
Vavilov Institute of General Genetics, Russian Academy of Sciences, Moscow, Russia
**e-mail: sergey8585@mail.ru*

Резюме. ДНК-хеликазы обеспечивают поддержание стабильности генома, участвуя в репликации, репарации и рекомбинации, а нарушения их функций связаны с наследственными заболеваниями и онкопатологиями. В мейозе они координируют репарацию двуцепочечных разрывов и процессы рекомбинации, формируя функциональную сеть, обозначенную нами ранее как «мейотический хеликазный комплекс». Хеликазы BLM, FANCJ и RTEL1 демонстрируют различные паттерны локализации в профазе I и, вероятно, выполняют взаимодополняющие функции. Изучение их взаимодействий важно для понимания молекулярных механизмов мейоза и поддержания геномной стабильности.
Ключевые слова: мейоз, синаптонемный комплекс, мейотическая хромосома, ДНК-хеликаза

Abstract. DNA helicases are essential for maintaining genome stability through their roles in DNA replication, repair, and recombination, and defects in their function are associated with inherited disorders and cancer predisposition. During meiosis, they coordinate double-strand break repair and homologous recombination, forming a functional network that we previously termed the "meiotic helicase complex". BLM, FANCJ, and RTEL1 exhibit distinct localization patterns during prophase I and likely perform complementary functions. Elucidating their interactions is crucial for understanding the molecular mechanisms of meiosis and the maintenance of genome stability.
Keywords: meiosis, synaptonemal complex, meiotic chromosome, DNA helicase

ДНК-хеликазы представляют собой АТФ-зависимые ферменты, осуществляющие расплетание двуцепочечной ДНК и различных вторичных структур нуклеиновых кислот. Они участвуют практически во всех процессах метаболизма ДНК: репликации, репарации, рекомбинации, транскрипции и поддержании теломер [1, 2]. Благодаря этому ДНК-хеликазы являются важнейшими факторами сохранения стабильности генома. Нарушение

их функций приводит к накоплению повреждений ДНК, хромосомной нестабильности и развитию наследственных заболеваний.

К числу наиболее изученных ДНК-хеликаз относятся белки семейства RecQ (BLM, WRN, RECQL1, RECQL4, RECQL5), Fe-S-содержащие хеликазы (RTEL1, FANCJ, DDX11, XPD), а также FANCM, RAD54, PIF1, HFM1 и ряд других ферментов [3]. Мутации в генах ДНК-хеликаз вызывают широкий спектр наследственных заболеваний. Дефекты BLM приводят к синдрому Блума, характеризующемуся хромосомной нестабильностью и повышенным риском злокачественных опухолей. Мутации WRN вызывают синдром Вернера, сопровождающийся преждевременным старением. Нарушения RECQL4 вызывают синдром Ротмунда-Томсона, а мутации FANCJ связаны с анемией Фанкони и наследственной предрасположенностью к раку молочной железы. Дефекты RTEL1 приводят к дискератозу, синдрому Хойераала-Хрейдарссона, иммунодефицитам и повышенному риску опухолей [3].

Во время мейоза ДНК-хеликазы регулируют процессы репарации двуцепочечных разрывов, гомологичной рекомбинации и формирования кроссинговера [4]. На основании данных о взаимодействиях между хеликазами и белками репарации (например, RPA) нами было предложено понятие «мейотического хеликазного комплекса» [5], объединяющего сеть взаимодействующих ферментов и их партнёров. В соответствии с нашими представлениями различные хеликазы скоординированно функционируют в профазе I, обеспечивая корректное протекание мейотических процессов.

Наиболее детально в профазе I исследованы хеликазы BLM, FANCJ и RTEL1. BLM локализуется вдоль синаптонемных комплексов, достигая максимального количества фокусов в ранней пахитене, и участвует в предотвращении неправильного синапсиса [6]. Напротив, FANCJ преимущественно располагается на несинаптированных участках хромосом и, вероятно, функционирует на ранних стадиях репарации двуцепочечных разрывов [7]. В наших исследованиях на примере крысы *Rattus norvegicus* впервые показано, что RTEL1 появляется в местах начала синапсиса уже в зиготене, достигает максимального количества фокусов в ранней и средней пахитене и частично колокализуется с белком RPA. В поздней пахитене число фокусов RTEL1 резко снижается, а в диплотене белок преимущественно обнаруживается в хроматине [5]. Ярким примером синапсис-зависимого появления RTEL1 могут быть мейотические хромосомы в пахитенных сперматоцитах узкочерепных полевок (благодарность за предоставление материала Петровой Татьяне В. из ЗИН РАН и Павловой Светлане В. из ИПЭЭ РАН). Наличие асинаптических (В-хромосомы и половые хромосомы, не имеющие участка синапсиса, - в виде унивалентов) и синаптических (остальные аутосомы) хромосом позволяет сравнить распределение RTEL1 в профазе I. В хромосомах, вступивших в синапсис, наблюдается отчетливый RTEL1-сигнал вдоль синаптонемных комплексов (СК), тогда как в хромосомах без синапсиса этого сигнала нет (Рисунок). Таким образом, RTEL1, BLM и FANCJ демонстрируют различные, но, вероятно, взаимодополняющие паттерны распределения, что позволяет рассматривать их как компоненты единой системы регуляции мейотической процессов.

Помимо BLM, FANCJ и RTEL1, потенциальными участниками процессов профазы I могут быть WRN, RECQL1, RECQL4 и DDX11, взаимодействующие с белком RPA и другими компонентами систем репарации. Предполагается также участие RAD54, FANCM, PIF1, HEELS и HFM1 [4]. Многие из этих белков образуют функциональные комплексы между собой и с такими факторами, как BRCA1, TOPBP1, MRN-комплекс,

TRF2 и CDK2. Несмотря на отсутствие детальных данных об их локализации в мейозе млекопитающих, накопленные сведения позволяют предполагать существование сложной сети взаимодействующих хеликаз, обеспечивающих точную координацию процессов репарации и рекомбинации.

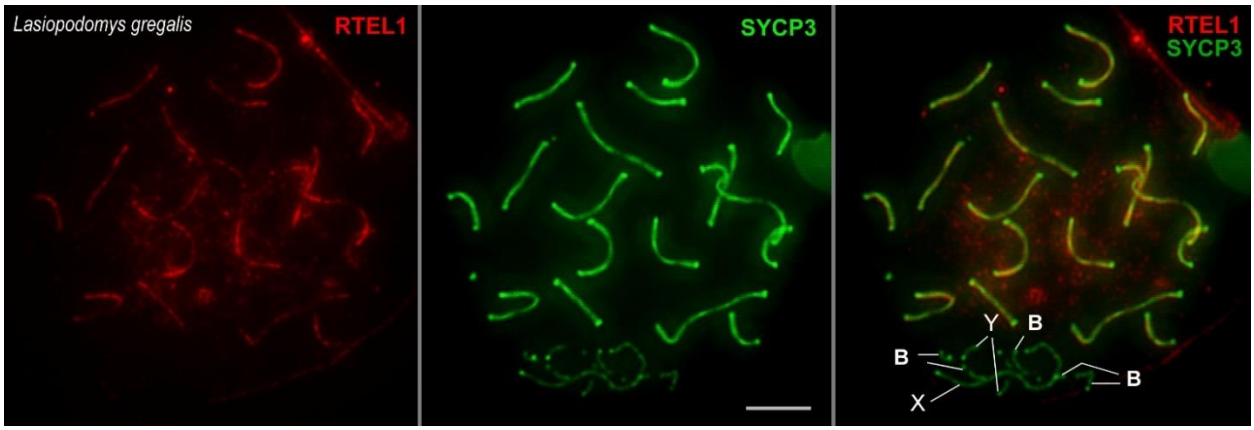


Рисунок – Локализация хеликазы RTEL1 в пахитенном ядре сперматоцита узкочерепной полёвки *Lasiopodomys gregalis* (2n=36+3B). Иммуноокрашивание: красным цветом показано распределение RTEL1; зеленым цветом показано распределение белка SYCP3 (осевые/латеральные элементы СК). В пределах асинаптических хромосом (половых – X и Y, и добавочных – B) нет сигнала RTEL1. Масштаб: 5 мкм.

ДНК-хеликазы являются ключевыми регуляторами поддержания стабильности генома как в соматических клетках, так и в мейозе. Нарушения их функций приводят к тяжелым наследственным заболеваниям и повышенному риску онкологических процессов. Изучение пространственной организации и взаимодействий этих белков в профазе I позволит глубже понять молекулярные механизмы мейоза и их значение.

Работа выполнена в рамках Госзадания лаборатории цитогенетики ИОГен РАН № 125040404872-7.

Список литературы

1. Matson S.W., Bean D.W., George J.W. DNA helicases: enzymes with essential roles in all aspects of DNA metabolism // Bioessays. 1994. V. 16. P. 13–22. DOI: 10.1002/bies.950160103
2. Bochman M.L. Roles of DNA helicases in the maintenance of genome integrity // Molecular & Cellular Oncology. 2014. V. 1. P. e963429. DOI: 10.4161/23723548.2014.963429
3. Estep K.N., Brosh Jr R.M. RecQ and Fe–S helicases have unique roles in DNA metabolism dictated by their unwinding directionality, substrate specificity, and protein interactions // Biochemical Society Transactions. 2018. V. 46. P. 77–95. DOI: 10.1042/BST20170044
4. Firlej M., Weir J.R. Unwinding during stressful times: mechanisms of helicases in meiotic recombination // Current Topics in Developmental Biology. 2023. V. 151. P. 191–215. DOI: 10.1016/bs.ctdb.2022.06.004
5. Matveevsky S.N., Bogdanov Y.F. Dynamics of RTEL1 helicase in meiotic cells: spatiotemporal distribution during prophase I in the rat Rattus norvegicus // Cytogenetic and Genome Research. 2025. V. 165. P. 118–127. DOI: 10.1159/000545191
6. Holloway J.K., Morelli M.A., Borst P.L., Cohen P.E. Mammalian BLM helicase is critical for integrating multiple pathways of meiotic recombination // Journal of Cell Biology. 2010. V. 188. P. 779–789. DOI: 10.1083/jcb.200909048
7. Horan T.S., Ascenção C.F., Mellor C., Wang M., Smolka M.B., Cohen P.E. The DNA helicase FANCJ (BRIP1) functions in double strand break repair processing, but not crossover formation during prophase I of meiosis in male mice // PLoS Genetics. 2024. V. 20. P. e1011175. DOI: 10.1371/journal.pgen.1011175

Информация об авторе:
Матвеевский Сергей Николаевич, ORCID ID 0000-0002-5808-7685

DOI: 10.48612/altuhov/2026_01-24

Динамика генетического разнообразия вновь возникшей городской популяции обыкновенного хомяка (*Cricetus cricetus*)

Мещерский И.Г., Феоктистова Н.Ю.*, Куприянов В.П., Мещерский С.И., Поташникова Е.В., Суров А.В.

Институт проблем экологии и эволюции им. А.Н. Северцова Российской академии наук, Москва, Россия

**e-mail: feoktistovanyu@gmail.com*

Dynamics of genetic diversity in a newly established urban population of the common hamster (*Cricetus cricetus*)

Meschersky I.G., Feoktistova N.Y.*, Kupriyanov V.P., Meschersky S.I., Potashnikova E.V., Surov A.V.

Severtsov Institute of Ecology and Evolution, Russian Academy of Sciences, Moscow, Russia

**e-mail: feoktistovanyu@gmail.com*

Резюме. В 2017 г. на территории Президентского парка в г. Астана (Казахстан), созданного в ходе масштабных землеустроительных работ 2006–2014 гг., были обнаружены поселения обыкновенного хомяка. Анализ микросателлитных локусов показал генетическую однородность этой популяции. Обследование, проведенное 8 лет спустя, показало, что площадь, занимаемая поселениями хомяка на территории паркового комплекса, значительно расширилась, распространившись на оба берега разделяющей парковую территорию р. Ишим. Несмотря на относительно стабильный общий уровень генетического разнообразия, особи из разных поселений оказались принадлежащими к двум разным генетическим кластерам (дистанция F_{ST} = 8.2%), распределение которых по территории не имело пространственной структурированности.

Ключевые слова: обыкновенный хомяк, городская популяция, генетическое разнообразие, генетическая структура, пространственная структура, микросателлиты

Abstract. In 2017, colonies of the common hamster were discovered within the Presidential Park in Astana (Kazakhstan), established during large-scale land development in 2006–2014. Microsatellite analysis revealed genetic homogeneity of this population. A survey conducted eight years later showed that the area occupied by the colonies within the park complex had significantly expanded, extending to both banks of the Ishim River dividing the parks territory. Despite a relatively stable overall level of genetic diversity, individuals from different colonies were found to belong to two distinct genetic clusters (F_{ST} distance = 8.2%), the distribution of which across the territory was not spatially structured.

Keywords: common hamster, urban population, genetic diversity, genetic structure, spatial structure, microsatellites

Обыкновенный хомяк (*Cricetus cricetus*) – один из широко распространенных видов палеарктических млекопитающих, численность которого за последние 50 лет резко сократилась на всем ареале. На этом фоне отмечается активное освоение урбоценозов. Поселения вида известны во многих городах Европы и России [1]. В 2017 г. поселения обыкновенного хомяка были обнаружены нами в центре г. Астаны (Казахстан), на территории Президентского парка, созданного в ходе масштабных реконструкций города 2006–2014 гг. Ландшафт парка был сформирован заново: исходный грунт заменен, высажены плодовые деревья и кустарники. Сформированная среда оказалась благоприятной для хомяка благодаря мягкому грунту, разнообразной кормовой базе и отсутствию хищников. Уникальность ситуации состоит в том, что заселение могло

начаться только после завершения работ, а популяция сформировалась за счет мигрантов [2]. Потенциальными источниками могли быть либо мигранты из пригородов, либо особи, сохранившиеся при поэтапной перестройке городской территории. Однако обследования пригородов не выявили признаков обитания вида.

В 2017–2018 гг. поселения были приурочены к правому берегу р. Ишим: в районе Дворца мира и согласия и в южной части парка (поселения 1, 2 и 4, см. Рисунок); на левом берегу реки зверьки отсутствовали.

Генетический анализ 12 особей, отловленных в 2017-2018 гг. по 10 микросателлитным локусам показал среднее число аллелей a = 4.2 и ожидаемую гетерозиготность He = 0.643. Низкая генетическая дистанция между двумя участками отлова (Fst = 1.26%, p = 0.381) и кластерный анализ свидетельствовали о генетической однородности популяции.

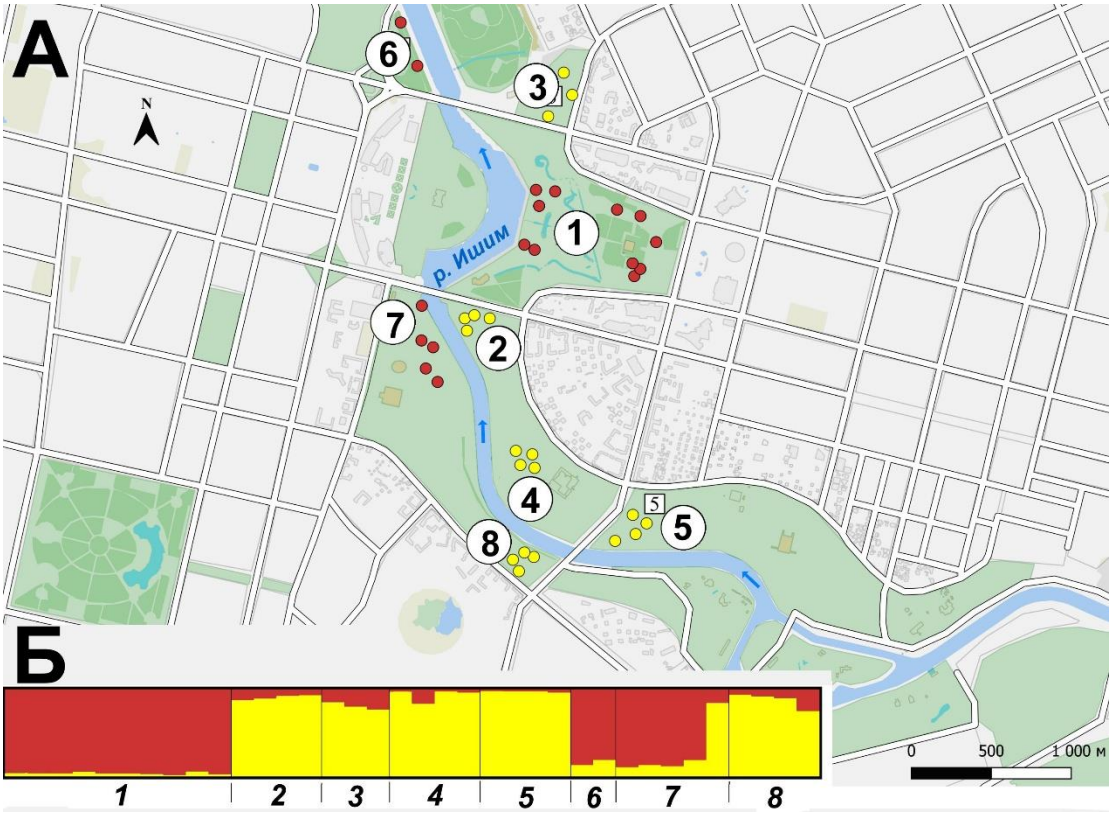


Рисунок – Места отлова особей обыкновенного хомяка в комплексе Президентского парка в г. Астане (А) и результат анализа обобщенной выборки методом кластеризации для параметра K=2 (Б). Каждый столбик на диаграмме соответствует отдельной особи. Цвета, соответствующие двум генетическим кластерам на диаграмме, соответствуют цвету точек на карте.

В 2024–2025 гг. норы хомяка были обнаружены на значительно большей площади, города включая оба берега Ишима. При этом уровень генетического разнообразия изменился незначительно (a = 4.7, He = 0.619), однако были выявлены два генетически обособленных кластера (F_{ST} = 8.2%, p < 0.001), не имеющие пространственной приуроченности: поселения разных кластеров мозаично перемежаются (Рисунок).

Появление второго кластера, вероятно, связано с дополнительной волной колонизации, хотя источники мигрантов остаются неизвестными. В таких городах, как Симферополь и Кисловодск, где обыкновенный хомяк обитает на протяжении многих десятилетий, в его поселениях отмечена выраженная пространственно-генетическая структура [1, 3], обусловленная городской инфраструктурой, препятствующей перемещению животных. В отношении Астаны относительно свободное перемещение

животных возможно вдоль реки по пока не застроенным берегам. Кроме того, река Ишим, не препятствуют перемещению животных, что подтверждается присутствием обоих кластеров по обе стороны реки. Автомобильные дороги могут (и очевидно ограничивают) перемещение животных между разными парками.

Дальнейший мониторинг поселений обыкновенного хомяка в Астане позволит оценить ее динамику. С одной стороны, при развитии более мощной инфраструктуры города, застройке береговой зоны и отсутствии новых волн вселения можно ожидать углубление дифференциации между обнаруженными кластерами. С другой, при сохранении возможности перемещения вдоль Ишима можно ожидать постепенное смешение кластеров и генетическую гомогенизацию популяции.

Список литературы

1. Феоктистова Н. Ю., Мещерский И. Г., Суров А. В. и др. Генетическая структура городской популяции обыкновенного хомяка (*Cricetus cricetus*) // Генетика. 2016. Т. 52. С. 221–230. DOI: 10.7868/S0016675816020041
2. Феоктистова Н.Ю., Мещерский И.Г., Богомолов П.Л. и др. Непреднамеренно поставленный эксперимент – заселение вновь созданного городского парка видом-синурбистом обыкновенным хомяком *Cricetus cricetus* L., 1758 // Известия Академии наук. Серия биологическая. 2020. № 2. С. 224–232. DOI: 10.31857/S0002332920020022
3. Феоктистова Н.Ю., Мещерский И.Г., Мещерский С.И. и др. Обыкновенный хомяк (*Cricetus cricetus* L., 1758, Cricetidae, Rodentia) в Москве: генетическая структура, природоохранный статус // Зоологический журнал. 2025. Т. 104. С. 87–95. DOI: 10.31857/S0044513425020066,

Информация об авторах:
Мещерский Илья Григорьевич, ORCID ID 0000-0003-4739-3342
Феоктистова Наталья Юрьевна, ORCID ID 0000-0003-4010-2880
Куприянов Владимир Павлович, ORCID ID 0000-0002-0436-4034
Мещерский Сергей Ильич, ORCID ID 0000-0001-5301-9846
Поташникова Екатерина Владимировна, ORCID ID 0009-0004-6924-7842
Суров Алексей Васильевич, ORCID ID 0000-0003-2030-8910

DOI: 10.48612/altuhov/2026_01-25

Генетические аспекты взаимодействия восточного (*Luscinia luscinia*) и южного (*L. megarhynchos*) соловьёв в зонах вторичного контакта

Михайлова М.В.[1]*, Белоконь М.М.[2], Белоконь Ю.С.[2], Марова И.М.[1], Иваницкий В.В.[1]

[1]Московский государственный университет им. М.В. Ломоносова, Москва, Россия

[2]Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова РАН, Москва, Россия

**e-mail: Mikhaylovamaria.bio@gmail.com*

Genetic aspects of interaction between the Thrush Nightingale (*Luscinia luscinia*) and the Common Nightingale (*L. megarhynchos*) in secondary contact zones

Mikhaylova M.V.[1]*, Belokon M.M.[2], Belokon Yu.S.[2], Marova I.M[1], Ivanitsky V.V.[1]

[1]Lomonosov Moscow State University, Moscow, Russia

[2]Vavilov Institute of General Genetics Russian Academy of Sciences, Moscow, Russia

**e-mail: Mikhaylovamaria.bio@gmail.com*

Резюме. Проведен комплексный молекулярно-генетический анализ структуры популяций и уровня гибридизации восточного (*Luscinia luscinia*) и южного (*L. megarhynchos*) соловьёв в зонах вторичного контакта и аллопатрических частях ареала. Совокупный анализ митохондриального гена ND2 и ядерных микросателлитных локусов подтвердил наличие

гибридных особей или следов гибридизации во всех исследованных зонах. Полученные данные свидетельствуют о значительном уровне межвидовой интрогрессии, несмотря на разный возраст возникновения, существенную неоднородность и специфическую динамику исследованных зон вторичного контакта.
Ключевые слова: Luscinia luscinia, *Luscinia megarhynchos*, зоны вторичного контакта, межвидовая гибридизация, микросателлитный анализ, ND2

Abstract. A comprehensive molecular genetic analysis was conducted to assess the population structure and hybridization levels of the Thrush Nightingale (*Luscinia luscinia*) and the Common Nightingale (*L. megarhynchos*) in secondary contact zones and allopatric parts of their ranges. The combined analysis of the mitochondrial ND2 gene and nuclear microsatellite loci confirmed the presence of hybrid individuals or signatures of hybridization in all studied zones. The data obtained suggest a significant level of interspecific introgression, despite differences in the age of origin, substantial heterogeneity, and specific dynamics of the studied secondary contact zones.
Keywords: Luscinia luscinia, *Luscinia megarhynchos*, secondary contact zones, interspecific hybridization, SSR, ND2

Формирование зон вторичного контакта между филогенетически близкими видами птиц широко распространенное явление в природе. По разным оценкам от 10 до 19% птиц мировой фауны вступает в случайную или регулярную гибридизацию [1]. В таких зонах часто наблюдаются процессы гибридизации, которые могут приводить к формированию популяций, несущих следы генетической интрогрессии. Изучение динамики зон вторичного контакта в пространстве и времени, а также различных аспектов взаимодействия близких видов в зонах совместного обитания предоставляет уникальную модель для исследования механизмов репродуктивной изоляции, видообразования и эволюции.

Объекты нашего исследования - восточный (*Luscinia luscinia*) и южный *(L. megarhynchos)* соловьи. Дивергенция этих таксонов произошла около 1,8 млн лет назад, однако генетические данные свидетельствуют о непрерывном потоке генов на протяжении всей истории с момента их обособления в плейстоценовую эпоху [2]. В настоящее время их гнездовые ареалы почти полностью разобщены, однако на границах формируются зоны вторичного контакта, в которых наблюдаются явления межвидовой гибридизации. Эти зоны неоднородны, имеют разные причины возникновения, историю формирования и динамику развития. В гибридизацию с монотипичным восточным соловьем в разных зонах вступают разные подвиды южного соловья [3-5].

Особенный интерес представляют районы, в которых антропогенная трансформация природной среды способствовала быстрому расселению близкородственных видов навстречу друг другу и формированию зоны совместного обитания. Одной из таких зон можно назвать регион Предкавказья юга России, где в результате интенсивного искусственного облесения и мелиорации степей возникла зона вторичного контакта двух видов соловьев.

В нашей работе мы проанализировали генетическую изменчивость восточного и южного соловьев в зонах вторичного контакта и гибридизации в Закарпатской области Украины, Предкавказье (Краснодарский край), Западной Калмыкии, а также в аллопатричных частях ареалов двух видов. Всего проанализировано 118 образцов особей двух видов. Из них 89 образцов собраны нами в зонах вторичного контакта в Краснодарском крае в 2017 г. , Западной Калмыкии и Ставропольском крае в 2017, 2019 и 2021 г., Закарпатской области Украины в 2013 г. Для сравнения были проанализированы

образцы из аллопатрических популяций обоих видов: 15 образцов из Ирана, Таджикистана, Армении, Крыма, Калининградской, Ростовской, Кемеровской и Оренбургской области и Дагестана. Кроме того, для анализа участка митохондриального гена ND2 были использованы последовательности семи образцов двух видов соловьев из GenBank, а также образец последовательности митохондриального гена ND2 варакушки *Luscinia svecica* (L.) для построения дендрограммы митохондриальных гаплотипов в качестве внешней группы. Видовую принадлежность особей в полевых условиях мы определяли по морфологическим признакам, из которых наиболее информативными считаются окраска оперения и особенности строения маховых перьев (формула крыла): разница в длине 7 и 9 первостепенного махового и длина 10-го первостепенного махового. Оценка вероятной гибридной природы особей была проведена на основе совокупного анализа фрагмента митохондриального гена ND2 и данных полиморфизма 9 ядерных микросателлитных локусов, содержащих динуклеотидные повторы.

Анализ генетической изменчивости фрагмента митохондриального гена ND2 (360 п.н.) показал четкую дифференциацию между восточным и южным соловьем, включая подвиды южного соловья. По результатам попарного сравнения было выявлено 37 изменчивых сайтов. Различия на уровне видов наблюдаются в 11 сайтах. В исследованной выборке было выявлено 26 уникальных гаплотипов. Результаты анализа генетических дистанций показали высоко достоверное в статистическом отношении разделение двух видов соловьев, а также разделение на подвиды у южного соловья (BS > 80%), что позволило определить принадлежность особей к одному из видов по материнской линии. Генетическую структуру выборок из аллопатрических и симпатрических частей ареала восточного и южного соловья по микросателлитным локусам анализировали с помощью программ Structure и NewHybrids.

Проведенный анализ подтвердил наличие гибридизации и интрогрессии во всех исследованных нами зонах вторичного контакта восточного и южного соловья. Доля межвидовых гибридов в изученных популяциях оценивается от 22 до 58 %, достигая максимального значения в молодой динамичной зоне Западной Калмыкии. Значительная доля гибридов выявлена в Закарпатской популяции вопреки глубокой депрессии численности восточного соловья, а также в популяции Западного Предкавказья, где в настоящее время южный соловей не обнаружен. Полученные нами данные позволяют предположить значительный уровень интрогрессии генов между видами, несмотря на разный возраст возникновения, существенную неоднородность и различную динамику разных зон вторичного контакта восточного и южного соловья.

Список литературы

1. Панов Е.Н. Гибридизация и экологическая изоляция у птиц. М.: Наука. 1989. 512 с.
2. Storchová R., Reif J., Nachman M. Female heterogameity and speciation: reduced introgression of the Z chromosome between two species of nightingales // Evolution. 2010. V. 64. № 2. P. 456-471. DOI: 10.1111/j.1558-5646.2009.00841.x
3. Лоскот В.М. О подвидах южного соловья (*Luscinia megarhynchos* Brehm) // Филогения и систематика птиц // Труды Зоологического института АН СССР. 1981 Т. 102. С. 62–71.
4. Белик В.П. Распространение и характер взаимоотношений двух видов соловьев на северном Кавказе / В.П. Белик, Б.А. Казаков, В.С. Петров // Вестник зоологии. 1989. Т. 5. С. 17–23.
5. Becker J. Sympatry and hybridization of Thrush Nightingale *Luscinia luscinia* and Nightingale *L. megarhynchos* around Frankfurt (Oder) // Brandenburg. Vogelwalt 1995. V. 116 (10). P. 109–118.

Информация об авторах:
Михайлова Мария Вячеславовна, ORCID ID 0000-0002-5289-876X

Белоконь Марьяна Михайловна, ORCID ID 0000-0003-1642-5225
Белоконь Юрий Сергеевич, ORCID ID0000-0003-4880-2160
Марова Ирина Михайловна, ORCID ID0000-0002-8613-3538
Иваницкий Владимир Викторович, ORCID ID 0000-0001-5440-6282

DOI: 10.48612/altuhov/2026_01-26

Генетическое разнообразие искусственной популяции стерха (*Leucogeranus leucogeranus* Pallas) по микросателлитным локусам после обновления генофонда

Мудрик Е.А.[1]*, Казимиров П.А.[1], Постельных К.А.[2], Кашенцева Т.А.[2], Шатохина А.В.[1], Политов Д.В.[1]

[1]Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова РАН, Москва, Россия

[2]Окский государственный природный биосферный заповедник, Рязанская обл., Брыкин Бор, Россия

**e-mail: mudrik@vigg.ru*

Genetic diversity of the captive population of the Siberian crane (*Leucogeranus leucogeranus* Pallas) by microsatellite loci after the gene pool renewal

Mudrik E.A.[1]*, Kazimirov P.A.[1], Kashentseva T.A.[2], Postelnykh K.A.[2], Shatokhina A.V.[1], Politov D.V.[1]

[1]Vavilov Institute of General Genetics, Russian Academy of Sciences, Moscow, Russia

[2]Oka State Nature Biosphere Reserve, Ryazan region, Brykin Bor, Russia

**e-mail: mudrik@vigg.ru*

Резюме. Охарактеризовано генетическое разнообразие искусственной популяции эндемика России стерха (*Leucogeranus leucogeranus* Pallas) по высокоизменчивым микросателлитным локусам после обновления генофонда птицами из природы Якутии. Показано, что вовлечение в программу разведения новых производителей обогатит аллельное разнообразие, уменьшит показатели генетического родства и увеличит ожидаемую гетерозиготность маточного поголовья, что будет способствовать генетическому оздоровлению и устойчивости резервной популяции стерха в искусственно созданных условиях и выпуску в природу особей, способных поддержать адаптивный потенциал этого вида.

Ключевые слова: стерх, *Leucogeranus leucogeranus*, генофонд, аллельное разнообразие, гетерозиготность, инбридинг, родство, искусственное разведение, микросателлитные локусы

Abstract. Genetic diversity of the captive population of the Russian endemic species, Siberian Crane (*Leucogeranus leucogeranus* Pallas), was characterized using high polymorphic microsatellite loci after the renewal of the population gene pool by birds from Yakutia. It was shown that involvement of new breeders into the breeding program would enrich allelic diversity, reduce genetic relatedness, and increase the expected heterozygosity of the breeding flock; this would facilitate the genetic revitalization and stability of the captive reserve population and release into the wild of individuals capable of maintaining the species adaptive potential.

Keywords: Siberian crane, *Leucogeranus leucogeranus*, gene pool, allelic diversity, heterozygosity, inbreeding, relatedness, captive breeding, microsatellite loci

Стерх (*Leucogeranus leucogeranus* Pallas) – один из наиболее редких и уязвимых видов журавлей мира, эндемик Российской Федерации. Резервная популяция стерха была сформирована в Питомнике редких видов журавлей Окского заповедника в 1980-90 гг. с

целью восстановления западной популяции путем выпуска в природу птенцов, полученных в процессе разведения стерхов в искусственно созданных условиях. Период существования этой популяции охватывает три поколения производителей (стерхи, как и все журавли – долгоживущие птицы, на данный момент самому возрастному стерху 46 лет). Все это время генетическое разнообразие популяции поддерживалось путем контролируемых скрещиваний неродственных особей, размножающихся самостоятельно и с помощью искусственного осеменения. Однако естественные процессы старения и убыли привели к снижению успешности разведения и сокращению возможностей для неродственного размножения, для устранения которых популяция была пополнена 10 особями из природы, выращенными из яиц, собранных в местах гнездования стерха в Якутии. Эти птицы еще не достигли половой зрелости, но как будущие производители генетически не родственны и могут быть задействованы в разведении в любых вариантах скрещиваний [1].

С использованием 13 высокополиморфных микросателлитных локусов [2] мы проанализировали генетическую структуру искусственной популяции стерха до и после ее пополнения новыми птицами из природы. Показано, что в поголовье производителей уровень инбридинга сохранялся низким, но его аллельное разнообразие снизилось по сравнению с исходным у основателей популяции, а родство увеличилось вместе с привлечением в разведение потомков этой же популяции. Добавление новых птиц из природы в качестве будущих производителей не отразилось на общем уровне наблюдаемой гетерозиготности искусственной популяции стерха, что, вероятно, отражает тот факт, что в ней поддерживается близкий к оптимальному уровень генетической изменчивости [3]. Обновление генофонда птицами из природы Якутии существенно обогатило аллельное разнообразие поголовья, уменьшило показатели родства и увеличило ожидаемую гетерозиготность, что будет способствовать генетическому оздоровлению и устойчивости резервной популяции стерха в искусственно созданных условиях и выпуску в природу особей, способных поддержать адаптивный потенциал этого вида [4].

Работа выполнена в рамках государственного задания Института общей генетики им. Н.И. Вавилова Российской академии наук 125040404873-4; поддержана Научно-производственной программой «Сохранение журавлей Евразии» Евроазиатской региональной ассоциации зоопарков и аквариумов России (ЕАРАЗА) и грантом Президентского фонда природы ЭКО-26-2-000653 «Сохранение белых журавлей России: анализ генофонда и генетическое сопровождение работ по увеличению численности стерха и японского журавля».

Список литературы

1. Мудрик Е.А., Казимиров П.А., Постельных К.А., Кашенцева Т.А., Шатохина А.В., Политов Д.В. Анализ родства нового поголовья стерхов из природы Якутии в искусственной популяции Питомника редких видов журавлей // Сборник тезисов научно-практической конференции с международным участием «Генетика–2025» / Отв. ред.: Маркина Н.В., Кастро Степанова А.А., Торгашев А.Ф., Гараева С.В. – М.: ИОГен РАН. С. 95–97. DOI 10.48612/GENETICS/2025_03-13.
2. Mudrik E., Kazimirov P., Kashentseva T., Postelnykh K., Shatokhina A. Wang W., Politov D. (2026). Characteristics of microsatellite loci developed for *Leucogeranus leucogeranus*. Figshare. Dataset. DOI 0.6084/m9.figshare.33774667.v1
3. Алтухов Ю.П. Генетические процессы в популяциях: Учеб. пособие. 3-е изд., перераб. и доп. М.: ИКЦ "Академкнига": 2003. 431 с.
4. Мудрик Е.А., Казимиров П.А., Кашенцева Т.А., Постельных К.А., Шатохина А.В., Политов Д.В. Динамика генетической структуры резервной популяции стерха (*Leucogeranus leucogeranus*) // Генетика. 2026. Т. 62 (11). С. 66–75. DOI 10.7868/S3034510326110063

Информация об авторах:
Мудрик Елена Анатольевна, ORCID ID 0000-0002-1089-7486
Казимиров Петр Алексеевич, ORCID ID 0009-0009-4792-3121
Постельных Кирилл Алексеевичl, ORCID ID 0009-0006-0303-1592
Кашенцева Татьяна Анатольевна, ORCID ID 0009-0006-5913-569X
Шатохина Анна Валерьевна, ORCID ID 0000-0003-1573-478X
Политов Дмитрий Владиславович, ORCID ID 0000-0003-1569-5565

DOI: 10.48612/altuhov/2026_01-27

Генетическое разнообразие сиговых рыб (Coregonidae) – разработка универсальной панели микросателлитных локусов и сравнение с полногеномным секвенированием

Мюге Н.С.[1,2]*, Щербакова В.Д.[1], Гусенкова К.Д.[1,3], Сошнина В.А.[1]
[1]*ГНЦ РФ ФГБНУ «Всероссийский научно-исследовательский институт рыбного хозяйства и океанографии», Москва, Россия*
[2]*Институт биологии развития им. Н.К.Кольцова РАН, Москва, Россия*
[3]*ФГБОУ ВО РГАУ-МСХА им. К.А. Тимирязева, Москва, Россия*
**e-mail: mugue@mail.ru*

Genetic diversity of whitefish (Coregonidae): development of a universal panel of microsatellite loci and comparison with whole-genome sequencing

Mugue N.S.[1,2], Shcherbakova V. D.[1], Gusenkova K.D.[1,3], Soshnina V.A.[1]*
[1]*Russian Federal Research Institute of Fisheries and Oceanography (VNIRO), Moscow, Russia*
[2]*Koltzov Institute of Developmental Biology of Russian Academy of Sciences, Moscow, Russia*
[3]*Russian State Agrarian University – Moscow Timiryazev Agricultural Academy, Moscow, Russia*
**e-mail: mugue@mail.ru*

Резюме. Разработана и апробирована новая универсальная панель микросателлитных локусов, пригодная для генотипирования различных видов сиговых. В данной работе мы представляем панель из 8 пар праймеров микросателлитных локусов, апробированных на 4 видах, и позволяющих проводить популяционно-генетические исследования на популяциях и форм сига-пыжьяна, муксуна, чира и нельмы. Сравнительный анализ генетического полиморфизма, выявленного методом полногеномного секвенирования и микросателлитного анализа показывают сходные паттерны генетической дифференциации, что позволяет использовать разработанную микросателлиную панель как более экономичную альтернативу WGS и стать основой для генетической паспортизации и мониторинга селекционных программ зарождающейся аквакультуры сиговых видов рыб.
Ключевые слова: секвенирование нового поколения (NGS), микросателлитные локусы, популяционная структура, сиговые рыбы, генетическое разнообразие

Abstract. A new panel of microsatellite loci suitable for genotyping of various whitefish species has been developed and validated. In this study, we present a panel comprising eight primer pairs for microsatellite loci; validated across four species, this panel enables population-genetic studies of populations and forms of *Coregonus lavaretus pidschian* (pidschian whitefish), *Coregonus muksun* (muksun), *Coregonus nasus* (broad whitefish/chir), and *Stenodus nelma* (nelma). A comparative analysis of genetic polymorphism, assessed by whole-genome sequencing (WGS) and microsatellite analysis, reveals similar patterns of genetic differentiation. This demonstrates that the developed microsatellite panel serves as a cost-effective alternative to WGS and can provide a foundation for genetic profiling and the monitoring of breeding

programs within the emerging whitefish aquaculture sector.
Keywords: next-generation sequencing (NGS), microsatellite loci, population structure, whitefish, genetic diversity

Сиговые рыбы (семейство Coregonidae) являются представителями одной из наиболее экологически пластичных групп в отряде лососеобразных (Salmoniformes). Представители семейства занимают ключевые позиции в ихтиофауне пресноводных и солоноватоводных экосистем арктической и бореальной зон. Сиговые рыбы характеризуются высоким уровнем внутривидового полиморфизма, выраженной эврифагией в питании и специфическим репродуктивным циклом, в котором доминирует осенне-зимний нерест без постройки гнёзд и охраны потомства. Морфологическая дифференциация внутри рода Coregonus традиционно базируется на меристических признаках, прежде всего на числе жаберных тычинок на первой жаберной дуге, что отражает адаптацию к различным типам питания — от планктофагии до бентофагии и хищничества.

Генетические особенности сиговых рыб изучены достаточно хорошо. История изучения видового и популяционного разнообразия включала в себя анализ изоферментов, дифференциации митохондриальной ДНК, поиск однонуклеотидных замен и секвенирование полного генома. Микросателлитные локусы активно и широко используются в изучении генетического разнообразия сиговых рыб и остаются одним из основных инструментов популяционно-генетических и консервационных исследований этой группы.

Целью настоящей работы стало составление универсальной панели микросателлитных локусов, показывающих успешную амплификацию при анализе выборок сига (*Coregonus lavaretus pidschian*), муксуна (*C. muksun*), чира (*C. nasus*) и нельмы (*Stenodus leucichthys nelma*). Все этапы работы были выполнены на базе ЦКР «Рыбохозяйственная геномика» (ckp-rf №3579654) с использованием коллекционных образцов УНУ «Биоресурсная коллекция ВБР» (ckp-rf 3990221).

Первым этапом работы была разработка панели праймеров для микросателлитного анализа генома муксуна (*Coregonus muksun*). Подбор праймеров осуществлялся в программе Primer3Plus на данных полногеномного секвенирования, получено более 2500 кандидатных локусов с протяженностью от 15 до 50 тетрануклеотидных повторов После проведения анализа все отобранные пары праймеров были оценены по результатам выравнивания: оценивалось качество посадки прямого и обратного праймеров на данных полногеномного секвенирования 6 видов сиговых, а также отсутствие выпадающих нуклеотидов в консервативных участках. На основании этой проверки и предварительной оценки качества были отобраны и заказаны 24 наиболее перспективные пары праймеров, расположенных в геноме на несцепленных участках генома.

Вторым этапом работы было тестирование полученных пар праймеров на выборках четырех видов сиговых рыб, где каждый вид был представлен 47 особями (общее число проанализированных особей – 188). Успешность проведения ПЦР была показана для 12 пар микросателлитных локусов. Некоторые локусы характеризовались аллелями с шагом в 2 п.н., что определялось в локусе наличием не только тетра-, но и динуклеотидных повторов, и не является достаточно удобным для анализа популяционной и видовой дифференциации особей. Наиболее четкие электрофореграммы с шагом аллелей в 4 п.н. были определены для 8 локусов: Cmu2259, Cmu668, Cmu2666, Cmu2670, Cmu3085, Cmu2082, Cmu1286, Cmu2783. (Таблица).

Таблица – Характеристика микросателлитных локусов

Локус	Прямой праймер	Метка	Обратный праймер	Длина локуса, п.н.
Cmu2259	TGGTGTGCCCAATGTTGTTG	R6G	GAGGACCGACAGGAGGAAAC	128-232
Cmu668	CAAAATGTCCTCCACCCAGC	FAM	AACTCGAACACGGCAGTTCA	197-321
Cmu2666	AGCGAAATGTTGGCCATTCAC	ROX	TGGGCTTCGATTAGCATGCT	169-289
Cmu2670	GTGTGCGCACCCTGATAAAC	TAMRA	CACAAAGACAAGGCGGTTGG	216-340
Cmu3085	ATGAAGGAGAGCGAGTGGGT	ROX	CACAGAGAGAGGGTTGGCAC	210-298
Cmu2082	AAAAGGTCAGCTTGGGGCAT	FAM	TGCTTATCCACCCCCACAAC	105-257
Cmu2783	CAGGGTGTGGTCACAGTAGC	ROX	AAAGTAGGCCGAACACTTCA	163-221
Cmu1286	TGGACAGACTCCATGACCGT	FAM	TCTCCATTCTCGTTATAAGGCGA	116-236

По результатам микросателлитного анализа был проведен кластерный анализ особей в программе Structure 2.3.4. Показано четкое разделение особей на 4 группы (Рисунок). При этом, внутри группы одного вида иногда определяются особи, относящиеся к другому, что отражает качество и надежность видовой идентификации сиговых по морфологическим признаком ихтиологами широкого профиля, не являющимися специалистами-сиговедами.

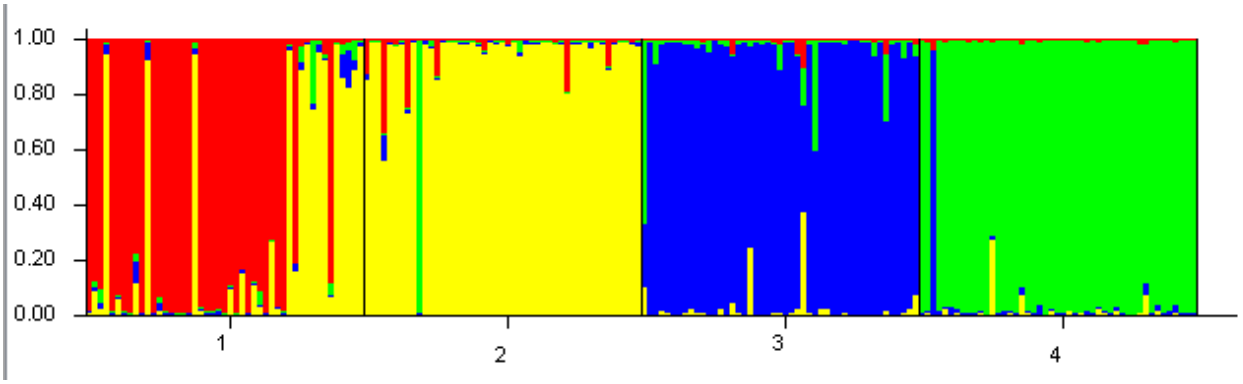


Рисунок – Апостериорная вероятность принадлежности особей к кластерам на выборке из 95 образцов четырех видов сиговых. Обозначения: 1 – сиг, 2 – муксун, 3 – чир, 4 – нельма.

Все изученные локусы характеризовались достаточно большим числом аллелей в каждой из изученных групп рыб. В среднем для сига характерно 23 аллеля/локус, муксуна – 22, чира – 16, нельмы – 14. Исключение составил лишь локус Cmu2082 у чира (2 аллеля). Также необходимо и важно отметить практически полное отсутствие амплификации локуса Cmu2666 у особей нельмы. Амплификация аллелей данного локуса была отмечена лишь у 1 особи нельмы, при этом, в кластерном анализе данная рыба относится к группировке чира (образец синего цвета в кластере №4 на рисунке 1), что также подтверждает ошибочную видовую идентификации в тестовой выборке.

Таким образом, в результате проделанной работы было описано 8 микросателлитных локусов, которые возможно использовать для анализа видового и популяционного разнообразия сиговых рыб. В связи со сложностями видовой идентификации сиговых по мтДНК, микросателлитный анализ может стать успешным рабочим инструментом для быстрого установления видовой принадлежности и популяционной структуры.

Авторы выражают благодарность коллективу Биотек Кампуса (Москва) за возможность ознакомиться с черновым вариантом сборки референсного генома муксуна

(сборка генома хромосомного уровня находится на стадии подготовки к публикации). Работа проведена при поддержке гранта в рамках ФНТП «Развитие генетических технологий», соглашение с Минобрнауки №075-15-2025-479.

Информация об авторах:
Мюге Николай Сергеевич, ORCID ID 0000-0001-8957-1931
Щербакова Виктория Дмитриевна, ORCID ID 0009-0008-2468-4837
Гусенкова Карина Дмитриевна
Сошнина Валерия Александровна, ORCID ID 0000-0002-4919-7890

DOI: 10.48612/altuhov/2026_01-28

Особенности генетики камбалы ершоватки *Limanda limanda* L. Белого моря по фрагменту гена *CO1*

Николаев П.Д.[1]*, Пономарева Е.В.[1,2]**, Строганов А.Н.[1], Шубина Е.А.[2]
[1]Московский государственный университет им. М.В. Ломоносова, Москва, Россия
[2]Научно-исследовательский институт физико-химической биологии им. А.Н. Белозерского, Москва, Россия
**e-mail: nikolaevpd@my.msu.ru, **e-mail: kponom@mail.ru*

Genetic characteristics of the common dab *Limanda limanda* L. from the White Sea based on a fragment of the *CO1* Gene

Nikolaev P.D.[1]*, Ponomareva E.V.[1,2]**, Stroganov A.N.[1], Shubina E.A.[2]
[1]Lomonosov Moscow State University, Moscow, Russia
[2]A.N. Belozersky Research Institute of Physico-Chemical Biology, Moscow, Russia
**e-mail: nikolaevpd@my.msu.ru, **e-mail: kponom@mail.ru*

Резюме. Камбала ершоватка относится к малоизученным видам беломорских рыб. В нашей работе мы оценили основные показатели генетического разнообразия для фрагмента гена *CO1* и сравнили их с данными популяции ершоватки Северного моря. Результаты проведенного филогенетического анализа на основе гаплотипов *CO1* указывают на общее постледниковое расселение с камбалой ершоваткой из Северного моря.
Ключевые слова: камбала ершоватка, *Limanda limanda* L., *CO1*

Abstract. The common dab is one of the most understudied species in the White Sea. In the study, we assessed the main genetic diversity indices for a fragment of the cytochrome c oxidase subunit 1 (*CO1*) gene and compared them with data from the North Sea common dab population. The results of the phylogenetic analysis based on *CO1* haplotypes suggest a shared dispersal history with the North Sea dab population.
Keywords: common dab, *Limanda limanda* L., *CO1*

Ершоватка (*Limanda limanda* L.) входит в число наиболее массовых видов ихтиофауны морей Северной Европы. Она обладает большим значением как объект биомониторинга: на основе анализа её гистологических препаратов проводят оценку загрязнения морских экосистем. В то же время, она остается наиболее слабо изученным видом беломорских камбал [1]. Развитие молекулярно-генетических методов расширило возможности определять видовую принадлежность особей, оценивать эволюционные пути различных групп. Для рыб и наземных позвоночных основной последовательностью для этих целей была избрана последовательность гена цитохром с-оксидазы 1 (*CO1)* [2].

В работе было проведено генотипирование 60 образцов ершоватки из Белого моря по фрагменту гена *CO1,* всего было обнаружено 14 гаплотипов, 7 из которых уникальные (ранее не депонированные в открытых базах данных), обнаруженное число гаплотипов существенно больше, чем у других видов камбал Белого моря. Для других видов число гаплотипов составляет 3 гаплотипа у полярной камбалы *Liopsetta glacialis* и 1 гаплотип у речной камбалы *Platichthys flesus* [3]. Был обнаружен массовый гаплотип, который встретился у 60% особей ершоватки.

Для филогенетического анализа были взяты последовательности камбалы ершоватки из Северного моря [4] из открытой базы данных Genbank® (NCBI): 17 последовательностей представлявших 6 гаплотипов.

Для ершоватки из Северного моря также были рассчитаны основные параметры генетического разнообразия, они оказались схожими со значениями нашей выборки. Для Белого моря: гаплотипическое разнообразие $Hd = 0,538$, нуклеотидное разнообразие $\pi = 0,0027$, значение теста Таджимы $Tajima's\ D = -1,46$. Для Северного моря: гаплотипическое разнообразие $Hd = 0,515$, нуклеотидное разнообразие $\pi = 0,0028$, значение теста Таджимы $Tajima's\ D = -1,27$.

Во множественном выравнивании было выявлено 12 гаплотипов (2 гаплотипа были исключены из-за более короткой длины), на филогенетическом дереве все гаплотипы вне зависимости от географической приуроченности образовали единый кластер с высокой бутстреп поддержкой (99%). Массовый гаплотип оказался общим с ершоваткой Северного моря. При построении медианной сети гаплотипов была выявлена звездообразная топология дерева, сформированная вокруг массового гаплотипа, что указывает на сокращение численности, вероятно, в период последнего оледенения, и последующее увеличение численности, расселение из рефугиума (Рисунок). Тот факт, что при этом массовый гаплотип является общим для обеих популяций ершоватки, указывает на общее постледниковое расселение с ершоваткой из Атлантического океана, что также подтверждается сходными параметрами генетического разнообразия и отрицательным значением теста Таджимы.

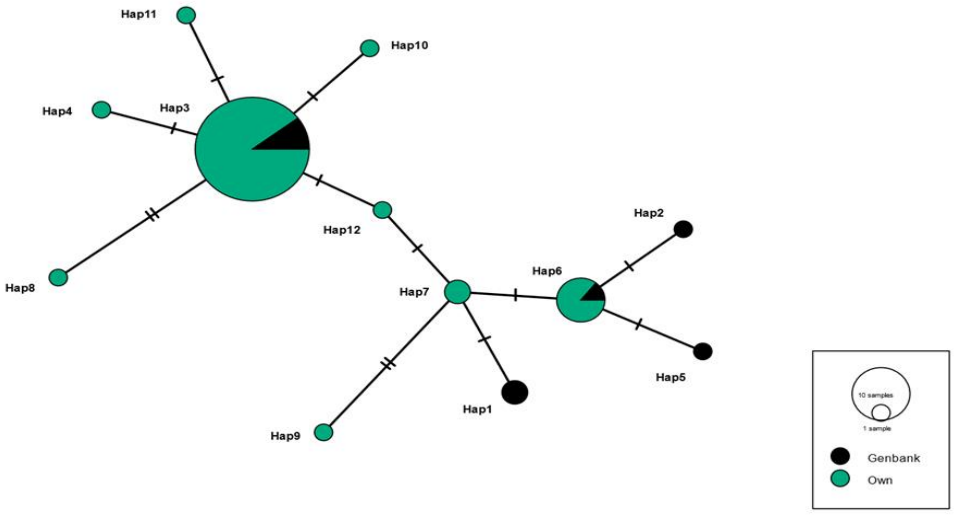


Рисунок – Сеть гаплотипов *CO1* исследованных рыб. Цветом обозначены регионы происхождения гаплотипов: зелёным выделены гаплотипы из Белого моря, чёрным выделены гаплотипы из Северного моря (Генбанк), диаметр круга пропорционален количеству особей с данным гаплотипом, черточки обозначают количество замен между гаплотипами.

Список литературы
1. Пономарева Е. В., Волков А.А., Малютина А. М., Строганов А.Н. Исследования видов рыб Белого моря методом ДНК-штрихкодирования (Баркодинга) //Актуальные проблемы освоения водных биологических ресурсов Российской Федерации. – 2023. – С. 491-495.
2. Семушин А.В., Фукс Г.В., Шилова Н.А. Камбаловые Белого моря: современные данные о биологии полярной камбалы *Liopsetta glacialis*, речной камбалы *Platichthys flesus* и ершоватки *Limanda limanda* // Вопросы ихтиологии. 2015. Т. 55. С. 413–423. DOI: 10.7868/S0042875215030157
3. Hebert, P. D., Cywinska, A., Ball, S. L., & DeWaard, J. R. (2003). Biological identifications through DNA barcodes. *Proceedings of the Royal Society of London. Series B: Biological Sciences*, *270*(1512), 313-321.
4. Knebelsberger, T. A reliable DNA barcode reference library for the identification of the North European shelf fish fauna // Molecular Ecology Resources. – 2014. – Vol. 14, no. 5. – P. 1060–1071. DOI: 10.1111/1755-0998.12238

Информация об авторах:
Николаев Павел Дмитриевич, ORCID ID 0009-0007-8920-2248
Пономарева Екатерина Валериановна, ORCID ID 0000-0002-3051-9044
Строганов Андрей Николаевич, ORCID ID 0000-0003-3334-7839
Шубина Елена Александровна

DOI: 10.48612/altuhov/2026_01-29

Генетическая дифференциация популяций соболя (*Martes zibellina*) севера Западной Сибири в зоне симпатрии с лесной куницей (*Martes martes*)

Онохов А.А.[1]*, Вэй Цзы[1], Филимонов П.А.[1,2], Абакумова Т.В.[1], Каштанов С.Н.[1]

[1]Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова Российской академии наук, Москва, Россия

[2]ФГАОУ ВО «Государственный университет просвещения», Мытищи, Московская обл., Россия

**e-mail: AAle.On@Yandex.ru*

Genetic differentiation of sable (*Martes zibellina*) populations in the north of Western Siberia in the sympatry zone with the pine marten (*Martes martes*)

Onokhov A.A.[1], Wei Z.[1], Filimonov P.A.[1,2], Abakumova T.V.[1], Kashtanov S.N.[1]

[1] Vavilov Institute of General Genetics, Russian Academy of Sciences, Moscow, Russia

[2] Federal state university of education, Mytishchi, Moscow region, Russia

**e-mail: AAle.On@Yandex.ru*

Резюме. Цель исследования – оценка современной генетической структуры популяций соболя на севере Западной Сибири с учётом исторических интродукций и гибридизации с лесной куницей. Проанализированы выборки из восьми географических популяций по 8 микросателлитным локусам. Выявлена минимальная дифференциация между выборками из популяций северной части Западной Сибири (D = 0.004, незначимо), и значительное влияние в генофонд этих животных восточносибирских интродуцентов (D = 0.104–0.174, p = 0,004–0,001). Зафиксированы признаки интрогрессии со стороны куницы, что подтверждает межвидовую гибридизацию в зоне симпатрии.

Ключевые слова: соболь, лесная куница, гибридизация, микросателлиты, генетическая дифференциация, интродукция, Западная Сибирь

Abstract. The aim of this study is to assess the contemporary genetic structure of sable populations in the north of Western Siberia, considering historical introductions and hybridization with the pine marten. Samples from eight geographic populations were analyzed

using 8 microsatellite loci. Minimal differentiation was found among northern groups (D = 0.004, p = NA), and a significant contribution of East Siberian introducents was revealed (D = 0.104–0.174, p = 0,004–0,001). Signals of introgression from the marten were detected, confirming interspecific hybridization in the sympatry zone.
Keywords: sable, pine marten, hybridization, microsatellites, genetic differentiation, introduction, Western Siberia

Историческая динамика ареала соболя характеризовалась выраженной фрагментацией вследствие интенсивного промысла, достигшей максимума к концу XVII века. Наиболее значимо неуправляемый промысел сказался на западной части ареала, включая территории Западной Сибири. В середине XX века были реализованы восстановительные мероприятия: полный пятилетний запрет охоты, организация заповедных зон и интродукция восточносибирских соболей (более 500 особей выпущено на правобережье Оби, что привело к формированию казымо-атлымской популяции). В этом регионе постоянно фиксируется межвидовая гибридизация с лесной куницей, зона симпатрии которых смещается под влиянием климатических изменений [1–5].

Цель исследования – оценка современной генетической структуры популяций соболя на севере Западной Сибири, включая анализ вклада интродуцированных и нативных генофондов, а также выявление уровня интрогрессии со стороны лесной куницы.

Нами проанализированы выборки из восьми географических популяций соболя (включая нативные группы Восточной Сибири, интродуцированные группировки бассейна Оби, изолированные очаги Пура и Назыма) и лесной куницы Урала. Генотипирование проведено по 8 микросателлитным (STR) локусам. Уровень генетической дифференциации оценивали с использованием коэффициента D (Jost) [6].

Минимальный уровень дифференциации зафиксирован между выборками из северной части Западной Сибири (D = 0.004), что указывает на существование единой популяции в этом регионе. Сравнение нативных восточносибирских популяций с современными западносибирскими группировками выявило сравнительно низкие значения (D = 0.104–0.174, p = 0,004–0,001), подтверждающие существенный вклад генофонда интродуцентов в формирование современной популяционной структуры. Межвидовые сравнения показали максимальные различия между соболем и куницей (D = 0.555–0.556, p = 0,001). Анализ потенциальных гибридов (кидусов) продемонстрировал градиент генетического сходства: максимальный уровень дифференциации с восточносибирскими соболями (D = 0.481–0.555, p = 0,001), промежуточное – с интродуцированными популяциями Западной Сибири (D = 0.327–0.379, p = 0,001) и минимальное – с выборкой куницы Урала (D = 0.136, p = 0,011). Эти данные свидетельствуют о реальном потоке генов между видами в зоне симпатрии.

Полученные результаты согласуются с литературными данными о гибридизации соболя и куницы [1, 7]. Выявленный уровень интрогрессии, вероятно, обусловлен несколькими факторами: климатически опосредованным смещением ареалов, ограниченной доступностью половых партнёров собственного вида для мигрирующих особей способствующим межвидовым контактам.

Современная генетическая структура соболя в исследуемом регионе сформирована тремя основными процессами: исторической фрагментацией, интродукцией восточносибирского генофонда и продолжающейся гибридизацией с лесной куницей. Дальнейшие исследования должны быть направлены на оценку репродуктивной

способности гибридных особей и мониторинг динамики интрогрессии в связи с климатическими изменениями.

Список литературы

1. Монахов Г.И., Бакеев Н.Н. Соболь. – М.: Лесная промышленность, 1981. – 240 с.
2. Раевский В. В. Жизнь кондо-сосьвинского соболя. М.: Наука. – 1947.
3. Рожнов В. В. Мещерский И.Г., Пищулина С.Л.,. Симакин Л.В. Генетический анализ популяций соболя (*Martes zibellina*) и лесной куницы (*M. martes*) в районах совместного обитания на Северном Урале //Генетика. – 2010. – Т. 46. – №. 4. – С. 553-557.
4. Рожнов В. В., Пищулина С.Л., Мещерский И.Г., Симакин Л.В. О соотношении фенотипа и генотипа соболя и лесной куницы в зоне симпатрии на Северном Урале //Вестник Московского университета. Серия 16. Биология. – 2013. – №. 3. – С. 23-26.
5. Кассал Б. Ю., Сидоров Г. Н. Расселение соболя (*Martes zibellina*) и куницы лесной (*Martes martes*) в Омской области и биогеографические последствия их гибридизации //Российский журнал биологических инвазий. – 2013. – Т. 6. – №. 1. – С. 51-65.
6. Jost L. GST and its relatives do not measure differentiation // Mol. Ecol. 2008. V. 17. № 18. P. 4015-4026.
7. Федотов О. В. Результаты акклиматизации восточно-сибирских соболей в бассейне р. Казым //Рационализация охот. промысла. – 1967. – №. 13. – С. 27.

Информация об авторах:
Онохов Алексей Алексеевич, 0000-0003-4996-2078,
Вэй Цзый, ORCID ID 0009-0009-2805-1196
Филимонов Павел Андреевич, ORCID ID 0000-0002-7854-4505
Абакумова Татьяна Валерьевна
Каштанов Сергей Николаевич, ORCID ID 0000-0003-4256-8510

DOI: 10.48612/altuhov/2026_01-30

Генетическое разнообразие узкочерепных полевок (*Lasiopodomys*) на Тянь-Шане

Петрова Т.В.[1]*, Паницина В.А.[1], Двояшов И.А.[2], Liu S.[3], Лисовский А.А.[2]

[1]*Зоологический институт РАН, Санкт-Петербург, Россия*

[2]*Институт проблем экологии и эволюции им. А.Н. Северцова РАН, Москва, Россия*

[3]*Академия лесного хозяйства провинции Сычуань, Чэнду, Китай*

**e-mail: p.tashka@inbox.ru*

Genetic diversity of narrow-headed voles (*Lasiopodomys*) in the Tien Shan

Petrova T.V.[1]*, Panitsina V.A.[1], Dvoyashov I.A.[2], Liu S.[3], Lissovsky A.A.[2]

[1]*Zoological Institute, RAS, Saint-Petersburg, Russia*

[2]*A.N. Severtsov Institute of Ecology and Evolution, RAS, Moscow, Russia*

[3]*Sichuan Academy of Forestry, Chengdu, China*

**e-mail: p.tashka@inbox.ru*

Резюме. На Юго-Восточном Тянь-Шане (плато Юлдус) выявлена глубоко дивергировавшая митохондриальная линия узкочерепных полевок. К ней принадлежат популяции Малого Юлдуса (типовая серия *Microtus tianshanicus*). Окончательное определение таксономического статуса этой группы запланировано по итогам анализа quaddRADseq.

Ключевые слова: Stenocranius, криптические виды, митохондриальные геномы

Abstract. A deeply diverged mitochondrial lineage of narrow-headed voles was identified in the South-Eastern Tien Shan (Yulduz Plateau). This lineage includes the populations of the Little Yulduz (the type series of *Microtus tianshanicus*). The final determination of the taxonomic

status of this group will be based on the results of quaddRADseq analysis.
Keywords: Stenocranius, cryptic species, mitochondrial genomes

Узкочерепные полевки рода *Lasiopodomys* (подрод *Stenocranius*) – широкоареальная группа грызунов. До применения молекулярных методов подрод считался монотипическим с единственным представителем – узкочерепной полевкой *Lasiopodomys gregalis* Pallas, 1779. Изучение генетического разнообразия группы на основной части ареала [1], показало наличие четырех сильно дивергированных митохондриальных (мт) линий с дистанциями по цитохрому *b* (*cytb*) порядка 6,5–11 %. Представители одной из них, самой генетически обособленной, населяющей Юго-Восточное Забайкалье, позже были восстановлены в качестве самостоятельного вида *L. raddei* Polyakov, 1881 [2]. Таксономический ранг трех остальных (A, B и C) является предметом отдельного исследования.

Недавно китайскими коллегами были опубликованы геномные данные для узкочерепной полевки с Юго-Восточного Тянь-Шаня [3]. По результатам предварительного анализа мт генома единственный проанализированный ими образец сильно отличался от всех узкочерепных полевок, изученных нами ранее.

В рамках данной работы нами проанализированы два экземпляра из той же точки (с плато Большой Юлдус), а также три экземпляра из типовой серии *Microtus tianshanicus* Buchner, 1889 (= *L. gregalis tianshanicus*), в том числе лектотип. Образцы типовой серии были собраны Н.М. Пржевальским в 1876-1877 годах в нескольких локалитетах на соседнем плато Малый Юлдус.

ДНК выделялась методом фенол-хлороформ. Подготовка библиотек и секвенирование (DNBSEQ-G400, парные чтения длиной 150 п.н.), проводились в MGI Tech Co. (Shenzhen, China). Проверка качества сырых данных проводилась в FastQC v.0.11.9, чистка в BBDuk. Митохондриальные геномы собирались при помощи программы MitoZ и картированием на референсный геном *L. gregalis* с помощью BWA-MEM v.0.7.17. Реконструкция митохондриальной филогении проводилась в программе MrBayes v.3.2.6. Оценка времен дивергенции основных линий – в программе BEAST v.2.7.8.

Анализ полных мт геномов (Рисунок) показал генетическую идентичность образцов с Большого Юлдуса типовой серии *M. tianshanicus* с Малого Юлдуса. Дистанция по *cytb* до остальных линий составляет 8,8–10,2 %. По предварительным результатам группа обособляется в среднем плейстоцене, вслед за *L. raddei*. Окончательный ответ о таксономическом статусе изученной мт линии дадут результаты анализа ядерной ДНК. Данные quaddRADseq находятся в процессе обработки.

Работа выполнена при финансовой поддержке гранта РНФ №25-24-01231.

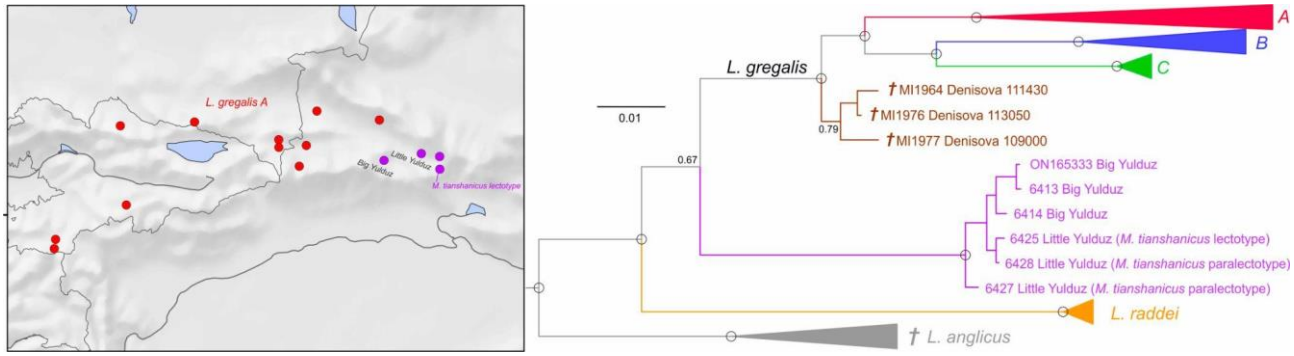


Рисунок – Распространение двух митохондриальных линий узкочерепных полевок на Тянь-Шане и филогения, построенная по данным полных митогеномов. Крестиком на дереве отмечены ископаемые экземпляры [4]. Кружочками на узлах – поддержки выше 0.99.

Список литературы
1. Petrova T.V., Zakharov E.S., Samiya R., Abramson N.I. Phylogeography of the narrow-headed vole *Lasiopodomys* (*Stenocranius*) *gregalis* (Cricetidae, Rodentia) inferred from mitochondrial cytochrome *b* sequences: an echo of Pleistocene prosperity // Journal of Zoological Systematics and Evolutionary Research. 2015. V. 53. P. 97–108. DOI: 10.1111/jzs.12082
2. Petrova T.V., Tesakov A.S., Kowalskaya Y.M., Abramson N.I. Cryptic speciation in the narrow-headed vole, *Lasiopodomys* (*Stenocranius*) *gregalis*, (Rodentia: Cricetidae) // Zoologica Scripta. 2016. V. 45. P. 618–629. DOI: 10.1111/zsc.12176
3. Wang X., Liang D., Wang X., Tang M., Liu Y., Liu S., Zhang P. Phylogenomics reveals the evolution, biogeography, and diversification history of voles in the Hengduan Mountains // Communications Biology. 2022. V. 5, P. 1124. DOI: 10.1038/s42003-022-04108-y
4. Baca M., Popović D., Agadzhanyan A.K. et al. (2023). Ancient DNA of narrow-headed vole reveal common features of the Late Pleistocene population dynamics in cold-adapted small mammals // Proceedings. Biological sciences. 2023. V. 290. P. 20222238. DOI: 10.1098/rspb.2022.2238

Информация об авторах:
Петрова Татьяна Викторовна, ORCID ID 0000-0001-6856-920X
Паницина Валентина Александровна, ORCID ID 0009-0000-5749-4804
Двояшов Иван Андреевич, ORCID ID 0009-0008-8002-5756
Liu Shaoying, ORCID ID 0000-0003-1382-7149
Лисовский Андрей Александрович, ORCID ID 0000-0003-0525-0327

DOI: 10.48612/altuhov/2026_01-31

Генетическая изменчивость и возможная гибридизация двух видов пеночек-теньковок на Северном Кавказе

Печенёва А.А.[1*], Квартальнов П.В.[1], Белоконь М.М.[2], Белоконь Ю.С.[2], Марова И.М.[1], Иваницкий В.В.[1]

[1]Московский государственный университет им. М.В. Ломоносова, Москва, Россия
[2]Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова РАН, Москва, Россия
**e-mail: nastya.pecheneva@gmail.com*

Genetic variability and possible hybridization of two species of chiffchaffs in the North Caucasus

Pecheneva A.A.[1]*, Kvartalnov P.V.[1], Belokon M.M.[2], Belokon Yu.S.[2], Marova I.M.[1], Ivanitsky V.V.[1]

[1]Department of Vertebrate Zoology, Lomonosov Moscow State University, Moscow, Russia
[2]Vavilov Institute of General Genetics, Russian Academy of Sciences, Moscow, Russia
**e-mail: nastya.pecheneva@gmail.com*

Резюме. На Северном Кавказе в условиях широкой симпатрии обитают два вида пеночек-теньковок: *Phylloscopus collybita caucasicus* и *Ph. sindianus lorenzii*, причём ареал последней полностью включён в ареал кавказской теньковки. Несмотря на вертикальный викариат на большей части зоны симпатрии, в некоторых районах местообитания видов перекрываются, что приводит к их совместному обитанию. На основании анализа фрагмента гена цитохрома *b* и девяти микросателлитных локусов впервые получены доказательства гибридизации между этими видами.
Ключевые слова: пеночка-теньковка, гибридизация, генетическая изменчивость, микросателлитный анализ, цитохром *b*, Северный Кавказ

Abstract. In the North Caucasus, two species of chiffchaffs, *Phylloscopus collybita caucasicus* and *Ph. sindianus lorenzii*, occur in sympatry, with the range of the latter being completely included in the vast range of the *Ph. collybita caucasicus*. Despite vertical vicariate over most of the sympatry zone, in some areas the habitats of the two species overlap, leading to their co-occurrence. Based on the analysis of a cytochrome *b* gene fragment and nine microsatellite loci,

we provide the first evidence of hybridization between these species.
Keywords: chiffchaff, hybridization, genetic diversity, microsatellite analysis, cytochrome *b*, North Caucasus

В пределах обширного ареала пеночки-теньковки (*Phylloscopus collybita* sensu lato) известно несколько зон вторичного контакта и гибридизации между формами различного таксономического ранга. На Кавказе в условиях широкой симпатрии обитают *Ph. collybita caucasicus* и *Ph. sindianus lorenzii*, причём ареал последней полностью включён в ареал кавказской теньковки. Почти повсеместно между ними наблюдается вертикальный викариат, однако в некоторых районах гнездовые местообитания видов перекрываются. Ранее из ряда регионов Кавказа сообщалось о смешанных поселениях, смешанных парах и особях с промежуточной окраской, что предполагает гибридизацию между *lorenzii* и *caucasicus* [1-4]. Тем не менее, генетические исследования в зонах совместного обитания этих форм с применением современных методов ранее не проводились, и вопросы о реальности гибридизации и степени интрогрессии оставались открытыми.

Полевые работы выполнены в мае–июне 2019, 2021 и 2022 гг. в трёх районах Северного Кавказа: в Адыгее (Кавказский заповедник), Северной Осетии (Северо-Осетинский заповедник) и в Кабардино-Балкарии (национальный парк «Приэльбрусье»). Отлов теньковок проводили паутинными сетями методом «звуковой ловушки». У каждой пойманной птицы описывали окраску оперения, прижизненно отбирали образцы крови. Всего поймано 146 взрослых особей (126 самцов и 20 самок).

Наши наблюдения подтвердили ранее известные данные: *caucasicus* гнездится преимущественно в низкогорных (до 1500 м над ур.м.) нарушенных широколиственных лесах и в поймах рек, тогда как *lorenzii* населяет главным образом высокогорные берёзовые и сосновые леса, поднимаясь до пояса берёзового криволесья, можжевеловых стлаников и рододендронов. Вместе с тем вертикальный викариат не является абсолютным. В Северной Осетии в зоне контакта оба вида гнездятся разреженно, тогда как в Адыгее на высоте около 2000 м над ур. м. они образуют плотные смешанные поселения.

Анализ исследуемых популяций пеночки-теньковки проведен по двум категориям признаков: окраске и генетическим маркерам. Для генетического анализа использовались фрагмент гена цитохрома *b* митохондриальной ДНК и 9 ядерных микросателлитных локусов. Анализ ядерных микросателлитных локусов показал, что *caucasicus* обладает существенно более высоким генетическим разнообразием по сравнению с *lorenzii*. Более низкая генетическая изменчивость *lorenzii* указывает на меньший эффективный размер популяции или, возможно, на относительно недавнее «бутылочное горлышко». Первое предположение согласуется с имеющимися данными о современной численности популяций: *Ph. c. caucasicus* имеет очень обширный ареал и известна как одна из самых обычных насекомоядных воробьиных птиц на всём протяжении Кавказа, Закавказья и Предкавказья. В последние десятилетия этот подвид расширяет свой ареал к северу, в настоящее время северная граница его распространения достигла Ростова-на-Дону. Этот подвид имеет высокую численность практически повсеместно в пределах своего ареала. Другим возможным объяснением высокой генетической изменчивости, наблюдаемой у *caucasicus*, является гипотеза о том, что она возникла в результате древней гибридизации между *brevirostris* и *menzbieri* [5]. *Ph. s. lorenzii*, напротив, населяет значительно меньший ареал и имеет мозаичное распространение, приуроченное к изолированным небольшим участкам высокогорных местообитаний в горах Кавказа.

Среди 146 пеночек-теньковок, проанализированных по микросателлитным маркерам, 7 особей оказались предположительными гибридами. Мы зафиксировали четыре случая несоответствия между митохондриальной и ядерной микросателлитной ДНК. Две особи имели гаплотипы митохондриальной ДНК *caucasicus*, но несли аллели микросателлитной ДНК *lorenzii*. Две другие теньковки, являясь по гаплотипу *lorenzii*, имели по микросателлитной ДНК генотип *caucasicus*. Также две особи демонстрировали расхождение между их видовой диагностикой на основе морфологических признаков и митохондриальной ДНК. Полученные данные указывают на то, что интрогрессия может происходить в обоих направлениях и самки обоих видов способны производить фертильных гибридов. Мы предполагаем, что изученная выборка демонстрирует признаки имевшей место в прошлом нерегулярной гибридизации с последующими возвратными скрещиваниями. Особи потенциально гибридного происхождения обнаружены во всех обследованных популяциях. Таким образом, спорадическая гибридизация между *lorenzii* и *caucasicus* распространена широко и происходит, вероятно, везде, где местообитания этих видов перекрываются.

Работа поддержана грантами РНФ № 20-14-00058 и № 20-14-00058-П.

Список литературы

1. Чунихин С. П. О систематике и экологии кавказской теньковки (*Phylloscopus collybita lorenzii* Lor.) // Зоол. журн. 1962.Т. 41(6). С. 954-956.
2. Моламусов Х. Т. Птицы центральной части Северного Кавказа / Нальчик: Кабардино-Балкарское книжное изд-во. 1967. 290 с.
3. Марова И. М. Новые данные об экологии и распределении восточно-европейской и кавказской теньковок // Матер. 10-й Всесоюзн. орнитол. конф. Витебск. Минск. 1991. Ч. 2. Кн. 2. С. 58-60.
4. Марова И. М. Пространственные, экологические и репродуктивные отношения между зелеными и коричневыми формами теньковок в зонах вторичного контакта на Кавказе. // Труды Тебердинского гос. природн. Биосферного зап-ка. 2002. Вып. 31.С. 139-142.
5. Marova I., Ilyina I., Kvartalnov P., Grabovsky V., Belokon M., Solovyova E., Ivanitskii V., From the Bosporus to Kopet Dagh: morphological, genetic and bioacoustic variation in the Chiffchaff in Turkey, the Caucasus and western Turkmenistan // Ardea. 2021. V. 109(2). P. 201-214. DOI: 10.5253/arde.v109i3.a3

Информация об авторах:
Печенёва Анастасия Алексеевна, ORCID ID 0009-0001-5688-5755
Квартальнов Павел Валерьевич, ORCID ID 0000-0002-8273-4459
Белоконь Марьяна Михайловна, ORCID ID 0000-0003-1642-5225
Белоконь Юрий Сергеевич, ORCID ID 0000-0003-4880-2160
Марова Ирина Михайловна, ORCID ID 0000-0002-8613-3538
Иваницкий Владимир Викторович, ORCID ID 0000-0001-5440-6282

DOI: 10.48612/altuhov/2026_01-32

Генетическая идентификация состава смешанных выборок нерки (*Oncorhynchus nerka*) из уловов морских ставных неводов в Камчатском заливе в 2018-2019 гг.

Пильганчук О.А.[1*], Муравская У.О.[1], Савенков В.В.[1],
Денисенко А.Д.[1], Зикунова О.В.[1], Зеленина Д.А.[2]

[1]Камчатский филиал Всероссийского научно-исследовательского института рыбного хозяйства и океанографии («КамчатНИРО»), Петропавловск-Камчатский, Россия

[2]Всероссийский научно-исследовательский институт рыбного хозяйства и океанографии, Москва, Россия

**e-mail: o.pilganchuk@kamniro.vniro.ru*

Genetic identification of the stock composition of mixed sockeye salmon (*Oncorhynchus nerka*) samples from marine set-net catches in Kamchatka Gulf in 2018–2019

Pilganchuk O.A.[1]*, Muravskaya U.O.[1], Savencov V.V.[1], Denisenko A.D.[1], Zicunova O.V.[1], Zelenina D.A.[2]

[1]Kamchatka Branch of the Federal State Budgetary Scientific Institution "Russian Federal Research Institute of Fisheries and Oceanography" ("KamchatNIRO"). Petropavlovsk-Kamchatsky, Russia

[2]Federal State Budgetary Scientific Institution "Russian Federal Research Institute of Fisheries and Oceanography". Moscow, Russia

**e-mail: o.pilganchuk@kamniro.vniro.ru*

Резюме. Создана база данных частот аллелей девяти микросателлитных локусов нерки (*Ots*107, *Oki1a*, *Oki*1b, *One*104, *One*109, *Ots*G68, *Omm*1037, *Oki*6, *Ots*100) для бассейна р. Камчатки. В результате анализа 24 выборок для исследованной локальности были выделены как минимум шесть генетически обособленных группировок нерки. Проведена генетическая идентификация состава смешанных выборок из уловов морских ставных неводов в Камчатском заливе в 2018-2019 гг.

Ключевые слова: популяционно-генетическая структура, нерка, *Oncorhynchus nerka*, микросателлитные локусы, генетическая идентификация

Abstract. A database of allele frequencies for nine microsatellite loci of sockeye salmon — *Ots*107, *Oki*1a, *Oki*1b, *One*104, *One*109, *Ots*G68, *Omm*1037, *Oki*6, *Ots*100 — was developed for the Kamchatka River basin. Analysis of 24 samples from the study area revealed at least six genetically distinct groups of sockeye salmon. Genetic identification of the stock composition of mixed samples from marine stationary set-net catches in Kamchatka Gulf in 2018–2019 was performed.

Keywords: population-genetic structure, sockeye salmon, *Oncorhynchus nerka*, microsatellite loci, genetic identification

Тихоокеанский лосось нерка (*Oncorhynchus nerka*) — один из ключевых и наиболее ценных промысловых видов на Дальнем Востоке России. Отличительной чертой данного вида является сложная популяционно-генетическая структура, включающая многообразие экологических группировок и сезонных форм [1]. Крупнейшей в азиатской части ареала нерки озерно-речной системой, обеспечивающей ее воспроизводство, является бассейн р. Камчатки. Река протекает в зоне со сложным и разнородным геологическим и геоморфологическим строением. Ее речная сеть насчитывает 7707 водотоков общей протяженностью 30 352 км при длине главного русла 758 км; в бассейне также расположено множество озер, суммарная площадь которых достигает 1038 км² [2]. На основе частот аллелей микросателлитных локусов ядерной ДНК в бассейне реки были выделены как минимум, шесть генетически обособленных группировок нерки: 1) верхнее и среднее течение бас. р. Камчатки; 2) оз. Азабачье (ранняя форма); 3) оз. Азабачье (поздняя форма); 4) бассейн р. Еловка, нижнее течение р. Камчатки; 5) оз. Двухюрточное; 6) оз. Ушки [3]. Наибольшей численностью характеризуются группировки, воспроизводящиеся в бассейне р. Еловки и оз. Азабачье. Вместе с тем в последний период отмечено значительное падение численности нерки в бассейне, наиболее выраженное на нерестилищах р. Еловки, верхнего и среднего течения р. Камчатки. В качестве вероятной причины рассматривается высокая промысловая нагрузка. Цель настоящего исследования — расширить количество проанализированных референтных выборок, определить популяционную принадлежность нерки из уловов морских ставных неводов в Камчатском заливе и получить новые данные о популяционно-генетической структуре нерки р. Камчатки.

Материал для генетической идентификации смешанных выборок нерки был отобран из уловов морских ставных неводов в Камчатском заливе в 2018 г (в период с 3

июня по 17 августа) и в 2019 г (в период со 2 июня по 4 июля). Всего было проанализировано 14 смешанных выборок, в количестве 670 экз. Идентификацию осуществляли на основе референтной базы данных, включающей 24 выборки (1098 экз.), отобранные из различных локальностей в бассейне реки Камчатки с 2003 по 2020 г в разное время нерестового хода. Анализ популяционно-генетической структуры проводили на основе девяти микросателлитных локусов (*Ots*107, *Oki*1a, *Oki*1b, *One*104, *One*109, *Oki*6, *Ots*G68, *Omm*1037, *Ots*100) как описано ранее [4].

Результаты анализа 24 референтных выборок в пространстве главных координат представлены на рисунке. Они подтверждают полученные ранее данные о сложной популяционно-генетической структуре нерки р. Камчатки [3, 4].

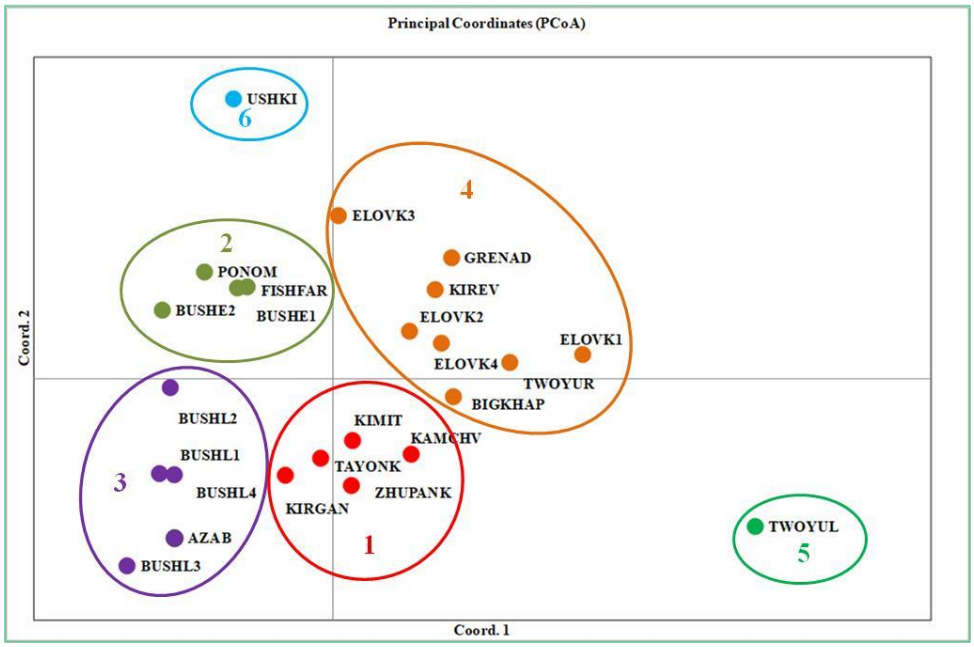


Рисунок – Расположение выборок нерки бас. р. Камчатки в пространстве главных координат на основании генетических дистанций Нея. Выделенные группы: 1) верхнее и среднее течение бас. р. Камчатки; 2) оз. Азабачье (ранняя форма); 3) оз. Азабачье (поздняя форма); 4) бассейн р. Еловка, нижнее течение р. Камчатки; 5) оз. Двухюрточное; 6) оз. Ушки.

Для оценки разрешающей способности созданной базы данных из 24 референтных выборок проведен симуляционный анализ в программе ONCOR [5]. В ходе выполняемой проверки мы оценили с какой точностью каждая из анализируемых выборок относится к одной из шести выделенных групп. В среднем точность отнесения экземпляров к “своей” группе составила 88,6%.

В программе GenClass2 [6] мы вычислили вероятности, с которыми особи из смешанных уловов морских ставных неводов относятся к выделенным группам. Так, результаты генетической идентификации экземпляров, отобранных в 2018 г, показали, что в большинстве исследованных выборок доля особей из бассейна р. Еловка не превысила 40%, а в подходе 2019 г составила 36%, что согласуется с результатами аэровизуального учета численности производителей.

Список литературы

1. Алтухов Ю.П., Салменкова Е.А., Омельченко В.Т. Популяционная генетика лососевых рыб. М.: Наука, 1997, 288 с.
2. Васильковский М.Г. Ресурсы поверхностных вод. Т. 20. Камчатка. Л.: Гидрометеоиздат, 1973, 368 с.
3. Пильганчук О.А., Муравская У.О., Савенков В.В., Денисенко А.Д., Зикунова О.В. Исследование популяционно-генетической структуры нерки (*Oncorhynchus nerka*) в бассейне р. Камчатки // Изучение водных и наземных экосистем: история и современность: тезисы

докладов III Международной научно-практической конференции, 2–7 сентября 2024 г., Севастополь, Россия. Севастополь: ФИЦ ИнБЮМ, 2024. 398 с. ISBN 978-5-6048081-9-1
4. Пильганчук О.А., Шпигальская Н.Ю., Денисенко А.Д., Савенков В.В. Генетическая дифференциация нерки *Oncorhynchus nerka* (Walbaum, 1792) бассейна р. Камчатки // Исследования водных биологических ресурсов Камчатки и северо-западной части Тихого океана. 2019. Вып. 53. С. 41–56.
5. Anderson E.C., Waples R.S., Kalinovski S. T. An improved method for estimating the accuracy of genetic stock identification |// Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences. 2007. V. 65. P. 1475–1486.
6. Piry S., Alapetite A., Cornuet J.M., Paetkau D., Baudouin L., Estoup A. GeneClass2: A Software for Genetic Assignment and First–Generation Migrant Detection // Journal of Heredity. 2004. Vol. 95. P. 536–539.

Информация об авторах:
Пильганчук Оксана Александровна, ORCID ID 0009-0002-5074-8597
Муравская Ульяна Олеговна, ORCID ID 0009-0002-7269-4091
Савенков Владимир Владимирович, ORCID ID 0009-0002-1555-1713
Денисенко Анастасия Дмитриевна, ORCID ID 0009-0006-9822-6674
Зикунова Ольга Владимировна, ORCID ID 0009-0007-6173-5667
Зеленина Дарья Александровна, ORCID ID 0000-0001-9560-5114

DOI: 10.48612/altuhov/2026_01-33

Митохондриальный геном обыкновенной овсянки *Emberiza citrinella* был заимствован в результате гибридизации

Рубцов А.С.*
Государственный Дарвиновский музей, Москва, Россия
**e-mail: RubtsovAS@culture.mos.ru*

Mitochondrial genome of yellowhammer *Emberiza citrinella* is borrowed due to hybridization

Rubtsov A.S.*
State Darwin Museum, Moscow, Russia
**e-mail: RubtsovAS@culture.mos.ru*

Резюме. Обыкновенная и белошапочная овсянки, гибридизирующие в зоне вторичного контакта, не различаются по митохондриальной ДНК, но показывают значимые различия по интрону ядерного гена. Если в ходе гибридизации митохондриальный геном одного из видов был заимствован у другого, то аналогичная интрогрессия должна наблюдаться и у ядерных генов, функционально связанных с митохондриальными. Такая интрогрессия была показана при помощи анализа полиморфизмов однонуклеотидных замен.
Ключевые слова: Emberiza citrinella, Emberiza leucocephala, гибридизация, интрогрессия, заимствование мтДНК, анализ полиморфизмов единичных нуклеотидных замен

Abstract. Yellowhammer and pine bunting, hybridizing in the secondary contact zone, did not differ by mitochondrial DNA, but demonstrate sufficient differences by intron of nuclear gene. If via hybridization the mtDNA of one species was borrowed from another, such introgression has to be observed in the nuclear genes, functionally associated with mitochondria. This introgression has been shown by SNP analysis.
Keywords: Emberiza citrinella, Emberiza leucocephala, hybridization, introgression, mtDNA replacement, SNP

Обыкновенная (*Emberiza citrinella*) и белошапочная (*E. leucocephalos*) овсянки – массовые широкоареальные виды, гибридизирующие в широкой зоне вторичного

контакта, простирающейся на 2500 километров от Уральских гор до оз. Байкал. Родительские виды имеют ярко выраженные различия в брачной окраске самцов, что позволяет надежно идентифицировать гибридов. Доля последних варьирует в разных локалитетах зоны симпатрии от 10 до 60% от численности популяции.

Для проведения генетического анализа была собрана коллекция образцов крови и тканей (321 экз.), охватывающая все пространство ареалов изучаемых видов. Для оценки генетической дистанции было взято по 33 пробы каждого вида из аллопатрических популяций, максимально удаленных от зоны симпатрии: обыкновенная овсянка из района Балтийского моря (Калининградская обл., Дания, Швеция), белошапочная – из восточного Забайкалья (Читинская область). Генетическая дистанция между обыкновенной и белошапочной овсянками по мтДНК оказалось равной нулю: изучаемые виды разделяют единый набор гаплотипов; в то же время картина изменчивости интрона ядерного гена в полной мере соответствует сценарию смешения двух генетически различных форм: два наиболее дивергировавших аллеля встречаются наиболее часто и демонстрируют значимые различия по частоте встречаемости в аллопатричных популяциях родительских видов (Рисунок). Медианная сеть аллелей ядерного гена в отличие от гаплотипов мтДНК не образует древовидной структуры, что говорит о наличии рекомбинаций.

Объяснить наблюдаемое противоречие можно, предположив, что митохондриальный геном одного из видов был заимствован у другого в результате гибридизации с полным замещением собственного митохондриального генома на всем ареале вида [1]. Доказать это предположение удалось с помощью методик секвенирования нового поколения [2]. У большинства животных митохондриальный геном содержит всего 37 генов, и биохимические процессы, протекающие в митохондриях, зависят от работы нескольких сотен ферментов, кодируемых ядерными генами («митонуклеарные» гены). Это взаимодействие продуктов должно приводить к их тесной коэволюции. В случае заимствования чужеродной мтДНК путем гибридизации аналогичная интрогрессия должна наблюдаться, по крайней мере, у части митонуклеарных генов.

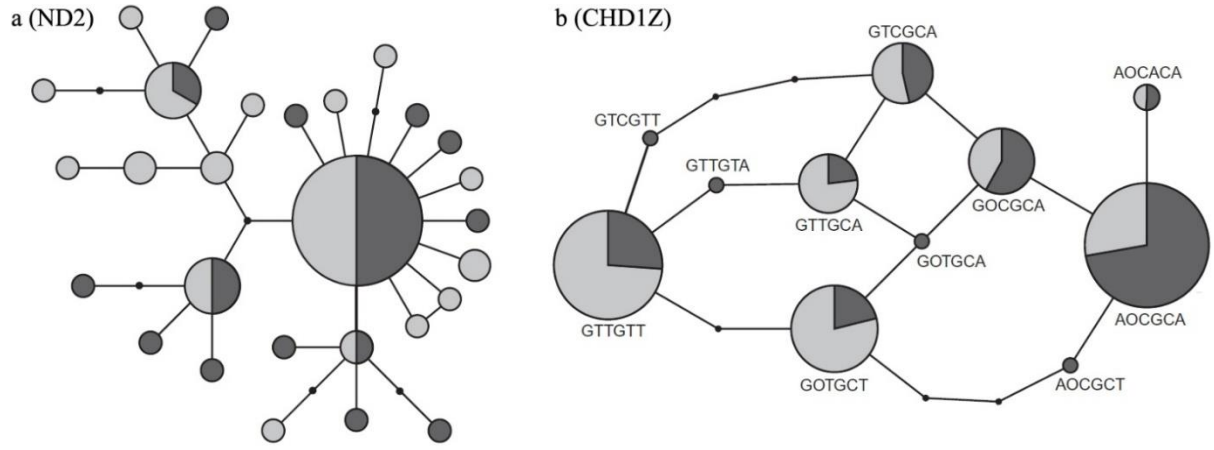


Рисунок – Медианная сеть гаплотипов: a) митохондриального гена ND2 (1032 п.н.) и b) интрона ядерного гена CHD1Z (613 п.н.) для аллопатричных популяций обыкновенной (светло-серый цвет; n=33) и белошапочной (темно-серый цвет; n=33). Площадь круга соответствует доли данного гаплотипа в выборке.

Для проверки этой гипотезы был проведен анализ полиморфизмов единичных нуклеотидных замен (SNP) для проб ДНК обыкновенной (n = 53) и белошапочной (n = 42) овсянок из аллопатрических частей их ареалов. Выделенная ДНК амплифицировалась при помощи метода Genotyping By Sequencing на секвенаторе Illumina HiSeq 4000. Для

секвенирования отбирались фрагменты длиной 300-400 п.н., сиквенсы выравнивались по референсному геному зебровой амадины *Taeniopygia guttata*, среднее покрытие составило 16,11. Всего было отсеквенировано 14402577 п.н., что составляет около 1.5% всего генома овсянок.

Сиквенсы были сгруппированы в неперекрывающиеся «геномные окна» по 2000 п.н., всего 7187 «окон». Для каждого геномного окна вычислялись индексы межгруппового нуклеотидного разнообразия (π_b; [3]) и Tajima D [4]. Далее из общего числа геномных окон были отобраны «окна интрогрессии» по следующим критериям: 5% всех геномных окон с наиболее низкими значениями Tajima D (отрицательное значение данного индекса указывает на возможное «селективное подметание» в прошлом) и 30% окон с наиболее низкими значениями π_b. Для обыкновенной овсянки были отобраны 244 «окна интрогрессии», для белошапочной – 222, из них 71 были общими для обоих видов.

Путем анализа литературных источников был составлен список ферментов, участвующих в биохимических процессах в митохондриях [5-7]. Из этого списка были удалены гены, которые не были аннотированы для референсного генома *Taeniopygia guttata*. Локации оставшихся 162 митонуклеарных генов были соотнесены с выделенными 7187 геномными окнами, в том числе и с окнами интрогрессии. Для расчета теоретически ожидаемых частот локации 14008 протеинкодирующих генов, аннотированых для *Taeniopygia guttata* [8], также были соотнесены с локациями геномных окон.

Оказалось, что окна интрогрессии аллопатрических популяций обыкновенной овсянки содержат более высокую долю (7,4%) митонуклеарных генов (12 из 162), чем других протеинкодирующих генов (4,1%; 574 из 13846), различия статистически достоверны (Fisher's Exact test: $p = 0.047$). У белошапочной овсянки такой связи не наблюдается: в окнах интрогрессии находятся 4,3% митонуклеарных генов (7 из 162) и 3,3% - всех остальных (455 из 13846), различия статистически незначимы (Fisher's Exact test: $p = 0.3806$).

Список литературы

1. Irwin D.E., Rubtsov A.S., Panov E.N. 2009. Mitochondrial introgression and replacement between yellowhammers (*Emberiza citrinella*) and pine buntings (*Emberiza leucocephalos*) (Aves: Passeriformes) // Biological Journal of the Linnean Society. Vol. 98 (2). P. 422-438. DOI: 10.1111/j.1095-8312.2009.01282.x
2. Nikelski E., Rubtsov A.S., Irwin D. 2023. High heterogeneity in genomic differentiation between phenotypically divergent songbirds: a test of mitonuclear co-introgression // Heredity. Vol. 130 (1). P. 1-13. DOI: 10.1038/s41437-022-00580-8
3. Irwin D.E., Milá B., Toews D.P.L., Brelsford A., Kenyon H.L., Porter A.N., Grossen C., Delmore K.E., Alcaide M., Irwin J.H. 2018. A comparison of genomic islands of differentiation across three young avian species pairs. // Molecular Ecology. Vol. 27 (23). P. 4839–4855. DOI: 10.1111/mec.14858
4. Tajima F. 1989. Statistical method for testing the neutral mutation hypothesis by DNA polymorphism // Genetics. Vol. 123 (3). P. 585–595. DOI: 10.1093/genetics/123.3.585
5. Diodato D., Ghezzi D., Tiranti V. 2014. The mitochondrial aminoacyl tRNA synthetases: Genes and syndromes // International journal of cell biology. Vol. 2014 (1). P. 787956. DOI: 10.1155/2014/787956
6. Greber B.J., Ban N. 2016. Structure and function of the mitochondrial ribosome. // Annual Review of Biochemistry // Vol. 85 (1). P. 103–132. DOI: 10.1146/annurev-biochem-060815-014343
7. Hill G.E. 2019. Mitonuclear Ecology. Oxford University Press, Oxford. 336 p.
8. Warren W.C., Clayton D.F., Ellegren H., Arnold A.P., Hillier L.W., Künstner A. et al. 2010. The genome of a songbird // Nature. Vol. 464 (7289). P.757–762. DOI: 10.1038/nature08819

Информация об авторе:
Рубцов Александр Сергеевич, ORCID ID 0009-0002-6692-4196

DOI: 10.48612/altuhov/2026_01-34

Популяционно-генетическая структура минтая *Gadus chalcogrammus* и освоение им Арктического региона

Савельева С.Ю.[1,2]*, Емельянова О.Р.[1,2], Курносов Д.С.[3], Орлов А.М.[4]

[1]*Всероссийский научно-исследовательский институт рыбного хозяйства и океанографии − ВНИРО, Москва, Россия*

[2]*Институт общей генетики им. Н.И.Вавилова Российской академии наук, Москва, Россия*

[3]*Тихоокеанский филиал Всероссийского научно-исследовательского института рыбного хозяйства и океанографии – ТИНРО Владивосток, Россия*

[4]*Институт океанологии им. П.П. Ширшова Российской академии наук, Москва, Россия*

**e-mail: kordicheva@rambler.ru*

Population-genetic structure of walleye pollock *Gadus chalcogrammus* and its colonization of the Arctic region

Saveleva S.Yu.[1,2]*, Emelianova O.R.[1,2], Kurnosov D.S.[3], Orlov A.M.[4]

[1]*Russian Federal Research Institute of Fisheries and Oceanography − VNIRO, Moscow, Russia*

[2]*Vavilov Institute of General Genetics, Russian Academy of Sciences, Moscow, Russia*

[3]*Pacific Branch of the Russian Federal Research Institute of Fisheries and Oceanography − TINRO, Vladivostok, Russia*

[4]*Shirshov Institute of Oceanology*, *Russian Academy of Sciences, Moscow, Russia*

**e-mail: kordicheva@rambler.ru*

Резюме. Проведён комплексный популяционно-генетический анализ минтая *Gadus chalcogrammus* в азиатской части ареала с использованием трёх типов маркеров: мтДНК (*D-loop*, *Cyt b*), микросателлитов и 7649 SNP (ddRAD-секвенирование). Впервые на обширном материале (1162 особи, 38 выборок) выделены три устойчивые группировки: арктическая (Баренцево море – море Лаптевых – Чукотское море), центральная (Берингово море – Охотское море – восточная Камчатка) и южная (Японское море – Южные Курилы). Обнаружены хромосомные области, потенциально ответственные за адаптацию к арктическим условиям. Результаты имеют прямое практическое значение для управления промыслом: обосновано выделение трёх популяционных единиц, что позволяет повысить точность прогнозирования запасов и предотвратить локальный перелов.

Ключевые слова: минтай, *Gadus chalcogrammus*, мтДНК, микросателлиты, SNP, ddRAD, Арктика

Abstract. A comprehensive population genetic analysis of walleye pollock *Gadus chalcogrammus* in the Asian part of its range was performed using three types of markers: mtDNA (*D-loop*, *Cyt b*), microsatellites, and 7649 SNPs (ddRAD-sequencing). For the first time on extensive material (1162 individuals, 38 samples), three stable groupings were identified: Arctic (Barents Sea – Laptev Sea – Chukchi Sea), Central (Bering Sea – Sea of Okhotsk – eastern Kamchatka), and Southern (Sea of Japan – southern Kuril Islands). Chromosomal regions potentially responsible for adaptation to Arctic conditions were identified. The results have direct practical implications for fisheries management: the delineation of three population units is substantiated, which improves stock forecast accuracy and prevents local overfishing.

Keywords: walleye pollock, *Gadus chalcogrammus*, mtDNA, microsatellites, SNP, ddRAD, Arctic

Минтай (*Gadus chalcogrammus*) – один из ключевых промысловых видов северной части Тихого океана, ежегодные уловы которого достигают миллионов тонн.

Эффективное управление его запасами невозможно без детального понимания популяционной структуры, особенно в условиях глобального изменения климата и активного освоения Арктики. Ранее использовавшиеся маркеры (аллозимы, микросателлиты, отдельные участки мтДНК) давали противоречивые результаты и не позволяли выявить тонкую генетическую подразделённость. В настоящем исследовании на 1162 половозрелых особях из 38 выборок, охватывающих западную часть Берингова моря, Охотское и Японское моря, тихоокеанские воды Курильских островов и Камчатки, а также арктические моря (Чукотское, Лаптевых, Баренцево), проведён анализ полиморфизма трёх типов маркеров: фрагмента контрольного региона мтДНК (*D-loop*, 526 п.н.), гена цитохрома *b*, 12 микросателлитных локусов и 7649 SNP, полученных методом ddRAD-секвенирования.

Микросателлитный анализ не выявил достоверной дифференциации между выборками, а мтДНК показала лишь две крупные группировки (беринговоморскую и охотоморско-япономорско-курильскую) при крайне низком полиморфизме. Только применение высокочувствительного SNP-генотипирования позволило выделить три устойчивые генетические группировки: арктическую (Баренцево море – море Лаптевых – Чукотское море), центральную (Берингово море – Охотское море – восточная Камчатка) и южную (Японское море и Южные Курильские острова). Попарные значения *F*st между арктической и всеми тихоокеанскими выборками составили 0,0415–0,0762 ($p < 0,05$). Анализ несцепленных SNP указал на генетическое родство арктической и охотоморской группировок, что позволило реконструировать исторические пути расселения. Сцепленные SNP показали, что дифференциация между группировками может быть связана с условиями среды. Идентифицированы хромосомные области, в которых локализованы локусы, потенциально ответственные за адаптацию к арктическим условиям. Все особи из арктических выборок демонстрировали положительные индексы инбридинга, что дополнительно подтверждает их обособленность. Особого внимания заслуживает генетическая обособленность южной группировки (Японское море и Южные Курилы), требующая разработки специальных мер управления.

Выявленная популяционно-генетическая структура имеет прямое практическое значение к обоснованной необходимости выделения в азиатской части ареала трёх крупных популяционных единиц и учет полученных данных в существующей системе рыбопромыслового районирования. Таким образом, применение высокоразрешающих геномных маркеров позволило впервые детально охарактеризовать популяционную структуру минтая в азиатской части ареала, выявить адаптивные геномные регионы и предложить научно обоснованные рекомендации для устойчивого промысла.

Информация об авторах:
Савельева (Орлова) Светлана Юрьевна, ORCID ID 0000-0002-6574-8381
Емельянова Ольга Романовна, ORCID ID 0000-0002-7656-2961
Курносов Дмитрий Сергеевич, ORCID ID 0000-0002-7138-3964
Орлов Алексей Михайлович, ORCID ID 0000-0002-0877-2553

DOI: 10.48612/altuhov/2026_01-35

Генетическая дифференциация зяблика (*Fringilla coelebs*) на пространстве ареала в европейской России

Самсонова И.П.[1]*, Иваницкий В.В.[1], Белоконь М.М.[2], Белоконь Ю.С.[2], Марова И.М.[1]
[1]*Московский государственный университет им. М.В. Ломоносова, Москва, Россия*
[2]*Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова РАН, Москва, Россия*
**e-mail: irsa128@yandex.ru*

Genetic differentiation of the common chaffinch (*Fringilla coelebs*) in the European Russia part of the range

Samsonova I.P.[1]*, Ivanitskii V.V.[1], Belokon M.M.[2], Belokon Yu.S.[2], Marova I.M.[1]
[1]*Lomonosov Moscow State University, Moscow, Russia,*
[2]*Vavilov Institute of General Genetics, Russian Academy of Sciences, Moscow, Russia*
**e-mail: irsa128@yandex.ru*

Резюме. Проанализирована генетическая изменчивость зяблика в европейской России по ядерным микросателлитным локусам и митохондриальному локусу цитохрома *b*. Филогенетическое дерево последовательностей цитохрома *b* показывает незначительную дифференциацию особей как между собой, так и между особями континентальной Европы. Генотипирование по микросателлитным локусам выявило некоторые уникальные аллели, но общая дифференциация популяций также незначительна. Таким образом, низкая дифференциация как географически близких, так и удаленных друг от друга популяций может свидетельствовать об активной миграции особей и быстром расселении зябликов по ареалу.
Ключевые слова: зяблик, цитохром *b*, микросателлиты, гетерозиготность, генетическая дифференциация популяций

Abstract. Genetic variability of the common chaffinch in European Russia was analyzed using nuclear microsatellite loci and the mitochondrial cytochrome *b* locus. The phylogenetic tree of cytochrome *b* sequences reveals little differentiation between individuals, both among themselves and among individuals in continental Europe. Genotyping using microsatellite loci revealed some unique alleles, but overall population differentiation is also insignificant. Thus, the low differentiation between both geographically close and distant populations may indicate active migration and rapid dispersal of the finches across their range.
Keywords: chaffinch, cytochrome *b*, microsatellites, heterozygosity, genetic differentiation of populations

Изучение генетической дифференциации мегаареальных видов привлекает к себе большое внимание исследователей. К числу таких видов относится и зяблик *Fringilla coelebs*, чей ареал простирается от Британских островов до Забайкалья и от северных побережий Европы до Северной Африки, Закавказья и южного Ирана. Между тем генетическая структура популяций зяблика к настоящему времени изучена лишь для западной оконечности Европы и прилежащих островов Атлантического океана [1-4]. В этом сообщении мы анализируем генетическую изменчивость зяблика в европейской России на пространстве от Белого моря на севере до Кавказа и Крыма на юге.

Мы получили последовательности гена цитохрома *b* длиной до 714 п.о. от 43 особей зяблика. После выравнивания последовательностей было построено филогенетическое дерево сходства с применением модели Тамуры – Нея. Также мы добавили в анализ последовательности цитохрома *b* зябликов из Испании, Португалии, Марокко, а также с

островов Мадейра, Гран Канария, Эль Хиерро из базы GeneBank [4-7]. Внешней группой послужил юрок *Fringilla montifringilla* [2].

Филогенетическое дерево, построенное методом ближайшего соседа, показывает незначительную генетическую дифференциацию особей при сравнении последовательностей митохондриальной ДНК. Особи с островов Атлантики выделяются в отдельную группу, тогда как континентальные особи Пиренейского полуострова попадают в ту же группу, что и наши образцы. Несмотря на то, что на Пиренейском полуострове обитает подвид *F. coelebs balearica*, он, похоже, не отличается от трех наших подвидов по митохондриальной ДНК. Юрок отделяется от остальной выборки достоверно с 5,2% замен. Таким образом, зяблики, обитающие в Европейской России, на Кавказе и на крайнем западе Европы, не показывают четкой географической дифференциации по цитохрому *b*.

Мы генотипировали 101 индивида по девяти микросателлитным локусам [3, 4]. Все особи были сгруппированы по шести выборкам (Беломорская биостанция + Карелия; Центральная Европа; Ростов-на-Дону; Кавказ, Северо-Западный Кавказ; Крымский полуостров). Наибольшее число уникальных аллелей выявлено в выборке Кавказ, что, вероятно, обусловлено высокой численностью этой выборки (n=32). С другой стороны, в Центрально-Европейской выборке, представленной 22 особями, найдено 5 уникальных аллелей, в каждом из случаев частоты уникальных аллелей не превышали 0,1. Присутствие редких и уникальных аллелей может указывать на начало дифференциации локальных популяций, но в нашем случае их вклад в общую дифференциацию незначителен.

Значимого отклонения средней наблюдаемой гетерозиготности от ожидаемой из равновесного распределения генотипов по Харди-Вайнбергу не выявлено ни в одной из выборок. Показатель несмещённой ожидаемой гетерозиготности (uH_E), применяемый для описания генотипического разнообразия в выборках с низкой численностью, для большинства локусов во всех выборках находился в пределах значений 0,65-0,75 и значимо не отклонялся от стандартных оценок ожидаемой гетерозиготности. Индекс фиксации (F) не отклоняется значимо от нулевого значения ни в одной из выборок, что говорит об отсутствии инбридинга.

F-статистики Райта отображают коэффициенты инбридинга особей относительно локальной популяции, всей совокупности, и локальной популяции относительно всей совокупности выборок. Значения коэффициента инбридинга особи относительно выборки (F_{IS}) указывают на равновесное распределение генотипов в исследуемых популяциях. Среднее значение показателя F_{ST} в 4,2 % свидетельствует о низкой степени межпопуляционной изменчивости; остальные 95.5% приходятся на внутрипопуляционную изменчивость. Генетические дистанции между выборками оказались незначительными как между географически удаленными (Крымская и Европейская), так и относительно близко расположенными популяциями (Крымская и Кавказская). Оба эти параметра также показывают низкую дифференциацию между изученными группами.

На основании генотипических расстояний между отдельными особями был проведён анализ главных координат, который не выявил четкого разделения на отдельные группы по географическому признаку. Результаты байесовского анализа структуры популяций в программе Structure также не выявили четкой дифференциации между выборками.

Таким образом почти на всем пространстве европейского ареала зяблика, где распространены четыре подвида, генетическая структура вида остается довольно гомогенной. Межпопуляционная изменчивость по микросателлитным локусам находится на низком уровне. Генетические дистанции между выборками незначительны. Дифференциация между парами популяций в среднем по аллельному составу каждой из них также незначительна. Все это свидетельствует в пользу гипотезы о быстром расселении зябликов по ареалу и о преобладании миграций особей над процессами локальной дифференциации отдельных популяций в границах подвидов. Это подтверждается и чрезвычайно широким географическим распространением типов песен зяблика, и неожиданно быстрой сменой их репертуаров на границах ареалов подвидов [8].

Список литературы

1. Lynch, A., Baker A. J. A population memetics approach to cultural evolution in chaffinch song: meme diversity within populations // The American Naturalist. 1993. Vol. 141, no. 4. P. 597–620. DOI: 10.1086/285493
2. Marshall, H. D., Baker A. J. Colonization history of Atlantic Island common chaffinches (*Fringilla coelebs*) revealed by mitochondrial DNA // Molecular Phylogenetics and Evolution. 1999. Vol. 11, no. 2. P. 201–212. DOI: 10.1006/mpev.1998.0552
3. Suárez, N. M. Betancor E., Pestano J. J. Microsatellite loci isolation in the Canarian common chaffinch (*Fringilla coelebs*) and their utility in other Canarian // Molecular Ecology Resources. 2009 (a). Vol. 9, no. 4. P. 1164–1166. DOI: 10.1111/j.1755-0998.2009.02599.x
4. Suárez, N. M, Betancor, E., Klassert, T. E., Almeida, T., Hernández, M., Pestano, J. J. Phylogeography and genetic structure of the Canarian common chaffinch (*Fringilla coelebs*) inferred with mtDNA and microsatellite loci // Molecular Phylogenetics and Evolution. 2009 (b). Vol. 53, no. 2. P. 556–564. DOI: 10.1016/j.ympev.2009.07.018
5. Allende, L. M., Rubio, I., Ruíz-del-Valle, V., Guillén, J., Martínez-Laso, J., Lowy, E., Varela P., Zamora J., Arnaiz-Villena, A. The Old World sparrows (genus Passer) phylogeography and their relative abundance of nuclear mtDNA pseudogenes. // Journal of Molecular Evolution. 2001. 53(2), 144-154.
6. Rando J. C., Alcover J. A., Illera J. C. Disentangling Ancient Interactions: A New Extinct Passerine Provides Insights on Character Displacement among Extinct and Extant Island Finches // PLOS ONE. 2010. Vol. 5, № 9. Article e12956. DOI:10.1371/journal.pone.0012956.
7. Rodrigues, P. Lopes R. J., Drovetski S.V., Reis S., Ramos J. A., da Cuhna R. T. Phylogeography and genetic diversity of the Robin (Erithacus rubecula) in the Azores Islands: Evidence of a recent colonization. // Journal of Ornithology. 2013. Vol. 154, no. 4. P. 889–900. DOI: 10.1007/s10336-013-0953-4.
8. Ivanitskii, V., Samsonova I., Marova I. Geographic variations of song and rain calls of the Chaffinch across the ranges of three subspecies // Ornis Hungarica. 2023. Vol. 31, no. 2. P. 49–60. DOI: 10.2478/orhu-2023-0018.

Информация об авторах:
Самсонова Ирина Павловна, ORCID ID 0000-0002-0578-9528
Иваницкий Владимир Викторович, ORCID ID 0000-0002-0879-4699
Белоконь Марьяна Михайловна, ORCID ID 0000-0003-1642-5225
Белоконь Юрий Сергеевич, ORCID ID 0000-0003-4880-2160
Марова Ирина Михайловна, ORCID ID 0000-0002-8613-3538

DOI: 10.48612/altuhov/2026_01-36

Как объединить микросателлитные данные из разных лабораторий: новый подход на примере северного оленя и карибу (*Rangifer tarandus*)

Семина М.Т.[1]*, Свищева Г.Р.[1,2], Кузнецова А.С.[1], Козыренко Д.Ю.[1], Лайшев К.А.[1,3], Столповский Ю.А.[1]

[1]Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова РАН, Москва, Россия

[2]Институт цитологии и генетики СО РАН, Новосибирск, Россия

[3]Центр междисциплинарных исследований проблем продовольственной безопасности, Санкт-Петербург, Пушкин, Россия

**e-mail: magdalena.semina@gmail.com*

How to combine microsatellite data from different laboratories: a new approach using reindeer and caribou (*Rangifer tarandus*) as an example

Semina M.T.[1]*, Svishcheva G.R.[1,2], Kuznetsova A.S.[1], Kozyrenko D.Yu.[1], Layshev K.A.[1,3], Yu.A. Stolpovsky[1]

[1]Vavilov Institute of General Genetics, Russian Academy of Sciences, Moscow, Russia

[2]Institute of Cytology and Genetics, Siberian Branch of the Russian Academy of Sciences, Novosibirsk, Russia

[3]Center for Interdisciplinary Research of Food Security Problems, St. Petersburg, Pushkin, Russia

**e-mail: magdalena.semina@gmail.com*

Резюме. Объединение микросателлитных данных, полученных в разных лабораториях, затруднено систематическими различиями в оценках размеров аллелей, обусловленными различиями приборных платформ, лабораторных протоколов и правил отнесения аллелей к размерным классам. Предложена процедура гармонизации данных, выполняемая отдельно для каждого локуса: все аллели локуса в пределах набора данных смещаются на постоянную величину до совмещения модального аллеля с эталонным, что сохраняет частоты аллелей и гомо- или гетерозиготное состояние генотипов. Процедуру применили к объединенной выборке из 1544 особей северного оленя и карибу из 42 популяций Аляски, Канады и России, генотипированных по девяти общим локусам. После гармонизации данных положение особей в пространстве главных компонент определялось не источником данных, а географической принадлежностью популяций: анализ главных компонент и его дискриминантный вариант, генетические расстояния Нея, попарные значения F_{ST} и кластеризация в ADMIXTURE согласованно выявили обособление российских, канадских и аляскинских популяций, причем аляскинские занимали промежуточное положение, что отвечает представлениям об исторических связях через Берингию.

Ключевые слова: Rangifer tarandus, микросателлиты, сдвиг размеров аллелей, гармонизация данных, популяционная структура, генетическое разнообразие

Abstract. Combining microsatellite datasets generated in different laboratories is hampered by systematic allele-size offsets arising from differences in genotyping platforms, laboratory protocols and allele-calling procedures. We propose a locus-specific mode-shift harmonisation procedure in which all alleles of a given locus within a dataset are shifted by a constant value so that the modal allele matches that of a reference dataset, thereby preserving within-dataset allele-frequency structure and heterozygosity status. The procedure was applied to a combined dataset of 1,544 reindeer and caribou from 42 populations in Alaska, Canada and Russia genotyped at nine shared loci. After harmonisation, ordination was no longer driven by source dataset: PCA, DAPC, Nei distances, pairwise F_{ST} and ADMIXTURE consistently supported differentiation

among Russian, Canadian and Alaskan populations, with Alaskan populations intermediate between the other two, consistent with historical connectivity across Beringia.
Keywords: Rangifer tarandus, microsatellites, allele-size shift, data harmonisation, population structure, genetic diversity

Массивы микросателлитных данных, накопленные за три десятилетия, обладают географическим и временным охватом, воспроизвести который современными геномными методами затруднительно. Однако их объединение сопряжено с методической трудностью: оценки размеров аллелей одного локуса систематически различаются между лабораториями вследствие применения разных приборов для капиллярного электрофореза, размерных стандартов и правил отнесения аллелей к размерным классам [1]. Эти воспроизводимые расхождения ведут к искусственному группированию особей по источнику данных и к искажению оценок подразделенности. Прямая калибровка по общим эталонным образцам предпочтительна, однако для ранее опубликованных материалов обычно неосуществима: исходная ДНК, электрофореграммы и принятые в лаборатории правила учета аллелей недоступны [2].

Нами предложена процедура гармонизации размеров аллелей, выполняемая отдельно для каждого локуса. Для локуса L в каждом наборе данных определяется модальный, то есть наиболее частый, аллель, после чего относительно эталонного набора вычисляется поправка $\Delta_L = M_{эт,L} - M_{кор,L}$, где $M_{эт,L}$ и $M_{кор,L}$ — размеры модального аллеля в эталонном и корректируемом наборах; все аллели этого локуса смещаются на данную постоянную величину. Поскольку поправка одинакова для всех аллелей локуса в данном наборе, процедура сохраняет частоты аллелей, число аллельных классов и гомо- или гетерозиготное состояние генотипов, устраняя аддитивную составляющую межлабораторных расхождений. Мы определяем ее как гармонизацию данных, а не калибровку: она не устанавливает абсолютной эквивалентности размеров аллелей и не доказывает технической природы всех наблюдаемых различий.

Материалом послужили опубликованные данные по 1544 особям из 42 популяций, генотипированным по девяти общим микросателлитным локусам: Аляска — 11 популяций (n = 297) [3], Канада — 18 популяций (n = 457) [4], Россия — 13 популяций (n = 790), включающих как домашние породы, так и диких оленей [5, 6]. Вычисления выполнены в среде R 4.5.2 (пакет adegenet) и в программе ADMIXTURE 1.3 [7].

До гармонизации данных первые две главные компоненты объясняли 57.2 и 33.8 % изменчивости и разделяли выборки строго по источнику данных. После гармонизации данных положение особей в пространстве главных компонент стало отражать географические отношения между популяциями. Устойчивость результатов проверена при трех вариантах эталонного набора, исключении популяций численностью менее 20 особей, исключении локусов с поправкой не менее 40 п.н. (RT6, FCB193, BMS745, BMS1788) и объединении малочисленных выборок. Оценки H_o, H_e, аллельного богатства и F_{IS} не изменились, что ожидаемо при постоянной поправке, тогда как попарные значения F_{ST} изменились, поскольку эта величина зависит от соответствия аллелей между наборами.

Дискриминантный анализ главных компонент устойчиво разделял Аляску, Канаду и Россию по первой оси; разделение сохранялось при обоих вариантах отбраковки, то есть не определялось ни малочисленными выборками, ни локусами с наибольшими поправками. Генетические расстояния Нея и попарные значения F_{ST} дали сходную картину: подразделенность между регионами выше, чем внутри них, при умеренных

абсолютных значениях. При кластеризации в программе ADMIXTURE наименьшая ошибка перекрестной проверки достигалась при K = 5; при K = 2 обособлялись российские и североамериканские популяции, а аляскинские занимали промежуточное положение. Наибольшая внутрирегиональная неоднородность отмечена среди российских популяций.

Таким образом, гармонизация размеров аллелей по модальному аллелю повышает сопоставимость разнородных микросателлитных данных и делает возможным изучение популяционной структуры в крупном географическом масштабе там, где прямая межлабораторная калибровка неосуществима. Ограничения очевидны: девять локусов позволяют выявить лишь наиболее общие закономерности, а гармонизация данных не устраняет последствий неравноценных схем отбора проб. Результаты указывают на необходимость единой панели локусов и общих правил учета аллелей. Данные и программные коды депонированы в Zenodo (https://doi.org/10.5281/zenodo.19018568).

Работа выполнена при поддержке Российского научного фонда (проект № 25-16-00314).

Список литературы

1. Moran P., Teel D.J., LaHood E.S. et al. Standardising multi-laboratory microsatellite data in Pacific salmon: an historical view of the future // Ecology of Freshwater Fish. 2006. V. 15. № 4. P. 597–605. DOI: 10.1111/j.1600-0633.2006.00201.x
2. Morin P.A., Manaster C., Mesnick S.L., Holland R. Normalization and binning of historical and multi-source microsatellite data: overcoming the problems of allele size shift with Allelogram // Molecular Ecology Resources. 2009. V. 9. № 6. P. 1451–1455. DOI: 10.1111/j.1755-0998.2009.02672.x
3. Mager K.H., Colson K.E., Groves P., Hundertmark K.J. Population structure over a broad spatial scale driven by nonanthropogenic factors in a wide-ranging migratory mammal, Alaskan caribou // Molecular Ecology. 2014. V. 23. № 24. P. 6045–6057. DOI: 10.1111/mec.12999
4. Serrouya R., Paetkau D., McLellan B.N. et al. Population size and major valleys explain microsatellite variation better than taxonomic units for caribou in western Canada // Molecular Ecology. 2012. V. 21. № 11. P. 2588–2601. DOI: 10.1111/j.1365-294X.2012.05570.x
5. Stolpovsky Yu.A., Babayan O.V., Kashtanov S.N. et al. Genetic evaluation of the breeds of reindeer (Rangifer tarandus) and their wild ancestor using a new panel of STR markers // Russian Journal of Genetics. 2020. V. 56. № 12. P. 1469–1483. DOI: 10.1134/S1022795420120133
6. Svishcheva G.R., Babayan O.V., Sipko T.P. et al. Genetic differentiation between coexisting wild and domestic Reindeer (Rangifer tarandus L. 1758) in Northern Eurasia // Genetic Resources. 2022. V. 3. № 6. P. 1–14. DOI: 10.46265/genresj.UYML5006
7. Alexander D.H., Novembre J., Lange K. Fast model-based estimation of ancestry in unrelated individuals // Genome Research. 2009. V. 19. № 9. P. 1655–1664. DOI: 10.1101/gr.094052.109

Информация об авторах:
Семина Магдалена Трофимовна, ORCID ID 0000-0002-9276-0407
Свищева Гульнара Рустамовна, ORCID ID 0000-0001-9478-267X
Кузнецова Анна Сергеевна, ORCID ID 0009-0000-4797-1136
Козыренко Данила Юрьевич, ORCID ID 0009-0006-1810-5726
Лайшев Касим Анверович, ORCID ID 0000-0003-2490-6942
Столповский Юрий Анатольевич, ORCID ID 0000-0003-2537-1900

DOI: 10.48612/altuhov/2026_01-37

Популяционно-генетическая структура лошадей Алтая

Солошенкова Э.А.[1]*, Солошенков А.Д.[1], Воронкова В.Н.[1], Столповский Ю.А.[1]
[1]*Институт общей генетики им. Н. И. Вавилова РАН, Москва, Россия*
**e-mail: nickolaevaelina@gmail.com*

Population-genetic structure of Altai horses

Soloshenkova E.A.[1]*, Soloshenkov A.D.[1], Voronkova V.N.[1], Stolpovsky Y.A.[1]
[1]*Vavilov Institute of General Genetics, Moscow, Russia*
**e-mail: nickolaevaelina@gmail.com*

Резюме. В ходе экспедиций в 2011-2024 годах собран биоматериал и проведен анализ генофондов лошадей Республики Алтай на основе микросателлитных локусов. Рассчитаны частоты встречаемости различных мастей среди алтайских лошадей. Выявлено, что лошади Алтая отличаются высоким уровнем генетического разнообразия, и схожим происхождением с лошадьми монгольского корня.
Ключевые слова: популяционная структура, лошадь, микросателлитный анализ, генетическое разнообразие

Abstract. During expeditions conducted between 2011 and 2024, biological material was collected and the gene pools of horses from the Altai Republic were analyzed using microsatellite loci. The frequencies of various coat colors among Altai horses were calculated. The study revealed that Altai horses exhibit a high level of genetic diversity and share a similar origin with Mongolian horses.
Keywords: population structure, horse, microsatellite analysis, genetic diversity

На территории Алтая распространены лошади, воспроизводство которых происходит путем народной селекции [1]. Владельцы лошадей самостоятельно принимают решения о проводимых селекционных мероприятиях и подборе пар животных [2, 3]. Лошади содержатся на круглогодичном выпасе. Жеребцы самостоятельно защищают косяк кобыл от хищников. Таким образом происходит синтез искусственного и естественного отбора. Присутствуют случаи межпородной гибридизации с орловской рысистой породой с целью улучшения верховых качеств и получению более высоких костистых лошадей в потомстве.

В ходе экспедиций был отобран биоматериал (кровь и волосы) лошадей из различных хозяйств Алтая. Был проведен сравнительный анализ лошадей Алтая с другими аборигенными породами лошадей России на основе панели из 17 микросателлитных локусов.

Наиболее разнобразной среди выборок алтайских лошадей была выборка из села Улаган. Выбора Улагана была представлена лошадьми из хозяйств по всему Улагану. Наименее разнообразной и наиболее удаленной ото всех была выборка Суаяг, которая находится на значительном удалении от села в труднодоступной горной местности.

При помощи метода Монте-Карло на основе марковских цепей были построены столбчатые диаграммы, отражающие популяционную структуру пород. Выявлено, что лошади Алтая имеют схожу структуру генофонда с лошадьми монгольского корня.

Таблица – Популяционно-генетические параметры пяти выборок алтайских лошадей, новоалтайской породы и локальных пород лошадей России

Выборка	N	Na	Ne	Ho	He	uHe	F
Улаган	34	7,90	4,62	0,76	0,77	0,78	0,00
Суаяг	12	5,40	3,56	0,76	0,69	0,72	-0,10
Кош-Агач	20	6,40	4,02	0,68	0,72	0,73	0,06
Черемшанка	10	5,60	3,73	0,72	0,71	0,75	0,00
"Энчи"	40	7,40	4,54	0,76	0,77	0,77	0,01
Среднее по алтайской породе		6,54	4,09	0,73	0,73	0,75	-0,01
Новоалтайская	62	8,80	4,92	0,77	0,77	0,77	-0,01
Локальные породы России		7,82	4,54	0,73	0,75	0,76	0,03
Среднее по аборигенам Европы		6,46	3,97	0,72	0,72	0,73	-0,01

Был проведен анализ частот встречаемости различных мастей среди лошадей Алтая. Примечательно, что среди исследуемых выборок присутствовали лошади не только базовых мастей [4]. Чубарая масть встречалась у 10,5% лошадей, пегая – 15,2%, чалая – 9,1%, буланая – 4,5%.

Список литературы

1. Лобанова Т.В., Трушников В.А. Алтайская лошадь и этапы ее преобразования // Вестник Алтайского государственного аграрного университета. 2005. Т. 17. № 1. С. 83–87.
2. Игнатьева О.П. Некоторые аспекты современного алтайского коневодства // Мир Большого Алтая. 2019. № 5 (3). С. 351–372.
3. Воронкова В.Н., Николаева Э.А., Пискунов А.К. и др. Оценка генетического разнообразия и структуры автохтонных пород лошадей России и Монголии с использованием ядерных и митохондриальных ДНК-маркеров // Генетика. 2022. Т. 58, № 8. С. 902–919. DOI 10.31857/S0016675822080100 (Voronkova V. N., Nikolaeva E. A., Piskunov A. K. et al. Assessment of genetic diversity and structure of Russian and Mongolian autochthonous horse breeds using nuclear and mitochondrial DNA markers // Rus. J. Genetics. 2022. V. 58. № 8. P. 927–943. DOI 10.1134/s1022795422080105)
4. Богданович В.И. Генетика мастей лошади. // Ученые записки Витебской ордена "Знак Почета" государственной академии ветеринарной медицины. - Витебск, 2000. Т. 36, ч. 1. С. 130-132.

Информация об авторах:
Солошенкова Элина Александровна, ORCID ID 0000-0002-1323-0644
Солошенков Александр Дмитриевич, ORCID ID 0000-0002-4601-9140
Воронкова Валерия Николаевна, ORCID ID 0000-0002-9660-0179
Столповский Юрий Анатольевич, ORCID ID 0000-0003-2537-1900

DOI: 10.48612/altuhov/2026_01-38

Генетическое разнообразие генов главного комплекса гистосовместимости дальневосточного леопарда (*Panthera pardus orientalis*)

Тарасян К.К.*, Сорокин П.А., Холодова М.В., Найденко С.В., Рожнов В.В.
Институт проблем экологии и эволюции им А.Н. Северцова Российской академии наук, Москва, 119071, Россия
**e-mail: tarasyan_k@mail.ru*

Genetic diversity of the major histocompatibility complex genes in the Far Eastern leopard *(Panthera pardus orientalis)*

Tarasyan K.K.*, Sorokin P.A., Kholodova M.V., Naidenko S.V., Rozhnov V.V.
A.N. Severtsov Institute of Ecology and Evolution of the Russian Academy of Sciences, Moscow, 1190971, Russian Federation
**e-mail: tarasyan_k@mail.ru*

Резюме. Проведена сравнительная оценка иммуногенетического разнообразия дальневосточного леопарда (*Panthera pardus orientalis*) на основании анализа генов главного комплекса гистосовместимости (ГКГ) I и II классов. Несмотря на длительное существование популяции в условиях низкой численности, гены ГКГ I класса сохраняют высокий уровень аллельного и аминокислотного разнообразия, тогда как локус DRB ГКГ II класса демонстрирует более ограниченную вариабельность. Полученные результаты свидетельствуют о неодинаковом влиянии демографического кризиса на различные компоненты иммунной системы и подчеркивают необходимость комплексного анализа нескольких иммуногенетических маркеров при оценке адаптационного потенциала редких видов.
Ключевые слова: дальневосточный леопард; главный комплекс гистосовместимости; ГКГ класса I; DRB; иммуногенетическое разнообразие; балансирующий отбор; охрана редких видов

Abstract. A comparative assessment of immunogenetic diversity in the Far Eastern leopard (*Panthera pardus orientalis*) was conducted based on the analysis of major histocompatibility complex (MHC) class I and class II genes. Despite the long-term persistence of this population at a low population size, MHC class I genes retain a high level of allelic and amino acid diversity, whereas the DRB locus of MHC class II exhibits more limited variability. The results indicate that the demographic bottleneck has affected different components of the immune system unequally and highlight the importance of analysing multiple immunogenetic markers when assessing the adaptive potential of endangered species.
Keywords: Far Eastern leopard; major histocompatibility complex; MHC class I; DRB; immunogenetic diversity; balancing selection; conservation of rare species

Дальневосточный леопард (*Panthera pardus orientalis*) является одним из наиболее редких подвидов крупных кошачьих. Несмотря на наметившуюся стабилизацию численности в последние годы, современная популяция сформировалась после длительного периода резкого сокращения численности и прохождения демографического «бутылочного горлышка». По данным исследований митохондриальной ДНК и микросателлитных локусов, дальневосточный леопард характеризуется низким уровнем генетического разнообразия по сравнению с другими подвидами леопарда [1-3]. Однако влияние демографического кризиса на функционально значимые компоненты генома, связанные с иммунным ответом, остается изученным недостаточно.

В настоящей работе проведена оценка генетического разнообразия генов главного комплекса гистосовместимости (ГКГ), играющих ключевую роль в распознавании патогенов и формировании адаптивного иммунного ответа. Высокий полиморфизм генов ГКГ традиционно рассматривается как один из важнейших показателей адаптационного потенциала природных популяций. При этом различные классы генов ГКГ обладают разным функциональным спектром, экспрессируются в разных типах клеток и участвуют в презентации разных групп антигенов. Поэтому различные классы генов ГКГ могут демонстрировать неодинаковые эволюционные паттерны и по-разному реагировать на действие генетического дрейфа и естественного отбора. Целью работы был сравнительный анализ иммуногенетического разнообразия генов ГКГ I и II классов дальневосточного леопарда в сопоставлении с данными для более многочисленных подвидов этого вида.

Материалом исследования послужили образцы 11 дальневосточных леопардов, собранные на территории национального парка «Земля леопарда». Для анализа использовали фрагменты экзонов, кодирующих антиген-связывающие участки белков ГКГ I класса и локуса DRB ГКГ II класса. Амплифицированные последовательности клонировали и секвенировали. Для подтверждения аллелей использовали независимые ПЦР-повторы. Полученные последовательности сравнивали с опубликованными данными по африканскому (*P. p. pardus,* [4]) и индийскому (*P. p. fusca*, [5]Parmar et al., 2017) подвидами леопарда. Оценивали число аллелей, уровень нуклеотидного и аминокислотного разнообразия, а также признаки действия естественного отбора.

В генах ГКГ I класса у дальневосточного леопарда был выявлен 21 аллель, большинство из которых ранее не были описаны. На одну особь приходилось от трех до семи аллелей (в среднем 4.9 ± 1.4). Уровень нуклеотидного и аминокислотного разнообразия оказался не ниже, а по ряду показателей выше, чем у африканского и индийского подвидов. Анализ антиген-связывающего региона выявил признаки балансирующего отбора, поддерживающего высокую вариабельность функционально значимых участков последовательности.

Для локуса DRB ГКГ II класса было обнаружено 14 аллелей, включая несколько ранее не описанных вариантов. Число аллелей на особь также варьировало от одного до семи (в среднем 2.82 ± 1.94). По уровню нуклеотидного разнообразия дальневосточный леопард был сопоставим с другими подвидами, однако аминокислотное разнообразие оказалось несколько ниже. У большинства исследованных животных выявлено небольшое число различных аллелей в индивидуальном генотипе, что для многокопийного гена может свидетельствовать о повышенной гомозиготности особей по отдельным копиям гена. Сигналы положительного отбора в генах II класса оказались менее выраженными по сравнению с генами ГКГ I класса. Для генов ГКГ обоих классов обнаружены признаки трансвидового полиморфизма: часть аллелей совпадала с последовательностями, ранее описанными у двух подвидов тигра (*P. t. orbetti, P. t. tigris*), а для гена DRB – в том числе и с последовательностями домашней кошки (*Felis catus*). Выявленный трансвидовой полиморфизм может отражать длительное сохранение отдельных предковых аллельных линий в ходе эволюции представителей семейства Felidae, либо являться результатом независимого формирования сходных последовательностей под влиянием общих патогенов.

Полученные результаты показывают, что различные компоненты иммуногенетической системы дальневосточного леопарда демонстрируют неодинаковые

паттерны изменчивости. Несмотря на длительное существование популяции в условиях низкой численности, гены ГКГ I класса сохраняют высокий уровень разнообразия, вероятно поддерживаемый балансирующим отбором. В то же время локус DRB ГКГ II класса характеризуется более ограниченным функциональным разнообразием и признаками частичной утраты аллельной вариабельности.

Таким образом, анализ генов главного комплекса гистосовместимости показывает, что последствия прохождения бутылочного горлышка неодинаково отразились на различных компонентах иммунной системы дальневосточного леопарда. Для объективной оценки адаптационного потенциала редких видов необходимо комплексное исследование нескольких классов иммуногенетических маркеров, поскольку данные отдельных локусов могут формировать неполную или даже противоречивую картину состояния популяции.

Список литературы

1. Uphyrkina O., Johnson W.E., Quigley H., Miquelle D., Marker L., Bush M., O'Brien S.J. Phylogenetics, genome diversity and origin of modern leopard, *Panthera pardus* // Mol. Ecol. 2001. V. 10. No 1. P. 2617–2633. DOI: 10.1046/j.0962-1083.2001.01350.x
2. Uphyrkina O., O'Brien S.J. Applying molecular genetic tools to the conservation and action plan for the critically endangered Far Eastern leopard (*Panthera pardus orientalis*) // C. R. Biol. 2003. V. 326 № 1. P. 93–97. DOI: 10.1016/s1631-0691(03)00044-1
3. Рожнов В.В., Сорокин П.А., Лукаревский В.С., Найденко С.В., Эрнандес-Бланко Х.А., Лукаревский С.В. Индивидуальная идентификация дальневосточных леопардов (*Panthera pardus orientalis*) молекулярно-генетическими методами и ее использования для оценки численности популяции // Известия РАН. Серия биологическая. 2013. № 2. С. 138–143. DOI: 10.7868/S0002332913020124
4. Castro-Prieto A., Wachter B., Melzheimer J., Thalwitzer S., Sommer S. Diversity and evolutionary patterns of immune genes in free-ranging namibian leopards (*Panthera pardus pardus*) // J. Heredity. 2011. V. 102. № 6. P. 653–665. DOI: 10.1093/jhered/esr097
5. Parmar D.R., Mitra S., Bhadouriya S., Rao T., Kunteepuram V., Gaur A. Characterization of major histocompatibility complex class I, and class II DRB loci of captive and wild Indian leopards (*Panthera pardus fusca*) // Genetica. 2017. V. 145. N 6. P. 541–558. DOI: 10.1007/s10709-017-9979-5

Информация об авторах:
Тарасян Карина Кареновна, ORCID ID 0000-0003-3372-2301
Сорокин Павел Александрович, ORCID ID 0000-0001-8462-8804
Холодова Марина Владимировна, ORCID ID 0000-0001-9636-9889
Найденко Сергей Валериевич, ORCID ID 0000-0001-6400-5108
Рожнов Вячеслав Владимирович, ORCID ID 0000-0002-2142-0763

DOI: 10.48612/altuhov/2026_01-39

Предварительные результаты микросателлитного анализа популяции пингвинов Гумбольдта (*Spheniscus humboldti* Meyen, 1834) Приморского океанариума

Фоменко М.А.[1], Бондарь Е.И.[2], Магарламов Т.Ю.[2]*

[1]Приморский океанариум – филиал Национального научного центра морской биологии им. А.В. Жирмунского ДВО РАН, Владивосток, Россия

[2]Национальный научный центр морской биологии им. А.В. Жирмунского (ННЦМБ) ДВО РАН, Владивосток, Россия;

**e-mail: biotimur@yandex.ru*

Preliminary data from microsatellite analysis Humboldt penguin's population (*Spheniscus humboldti* Meyen, 1834) of the Primorsky Aquarium

Fomenko M.A.[1], Bondar E.I.[2], Magarlamov T.Yu.[2]*

[1]*Primorsky Aquarium – branch of A.V. Zhirmunsky National Scientific Center of Marine Biology of Far Eastern Branch of the Russian Academy of Sciences, Vladivostok, Russia*

[2]*A.V. Zhirmunsky National Scientific Center of Marine Biology, Far Eastern Branch, Russian Academy of Sciences, Vladivostok, Russia*

**e-mail: biotimur@yandex.ru*

Резюме. В работе проведен предварительный анализ генетической структуры группы пингвинов Гумбольдта, содержащихся в Приморском океанариуме, с использованием микросателлитных маркеров. Сравнение особей первого и третьего поколений выявило изменения частот аллелей и незначительное снижение аллельного разнообразия. Анализ родственных связей подтвердил отцовство для всех исследованных птенцов в двух семейных группах. Полученные результаты демонстрируют эффективность микросателлитного анализа для генетического мониторинга искусственных популяций и могут быть использованы при разработке программ управления их генетическим разнообразием.

Ключевые слова: Spheniscidae; генетическое разнообразие искусственных популяций; определение отцовства; фрагментный анализ

Abstract. This study presents a preliminary analysis of the genetic structure of a Humboldt penguin group maintained at the Primorsky Aquarium using microsatellite markers. A comparison of individuals from the first and third generations revealed shifts in allele frequencies and a slight decrease in allelic diversity. Parentage analysis confirmed paternity for all offspring examined in the two family groups. The results demonstrate the usefulness of microsatellite analysis for genetic monitoring of captive populations and may contribute to the development of effective strategies for maintaining their genetic diversity.

Keywords: Spheniscidae; genetic diversity of captive populations; paternity testing; fragment analysis

Животные, содержащиеся в неволе, формируют критически важный резервный фонд популяций видов, находящихся под угрозой исчезновения в дикой природе. Традиционно генетическое управление популяциями в зоопарках основывается на данных племенных книг, что позволяет анализировать последствия инбридинга и решать другие задачи популяционной генетики. Однако микросателлитный анализ обеспечивает более точное представление о родственных связях и генетической структуре искусственных популяций. Его прикладное значение заключается в определении степени родства между особями внутри групп животных, содержащихся в неволе.

Несмотря на то что пингвины считаются строго моногамными птицами, внепарные спаривания были зарегистрированы у диких магеллановых пингвинов, пингвинов Генту (*Pygoscelis papua* (Forster, 1781)) и пингвинов Гумбольдта (*Spheniscus humboldti* Meyen, 1834) [1-3]. Более того, молекулярно-генетический анализ группы пингвинов Генту, содержавшейся в одном из океанариумов США, показал, что социальный отец, указанный в племенной книге, не являлся биологическим отцом двух из восьми исследованных птенцов (25%) [4]. Целью настоящего исследования являлся предварительный анализ генетической структуры группы пингвинов Гумбольдта и определение родственных связей в двух семьях этих птиц с использованием микросателлитного анализа.

Генетическое разнообразие оценивали у особей исходной популяции (первое поколение, n = 13) и особей третьего поколения (n = 13). Проверку отцовства проводили для двух пар птиц исходной популяции и их потомков (n = 12). Исследование выполнено с использованием 12 микросателлитных локусов, ранее описанных для данного вида [5, 6].

По результатам анализа у особей третьего поколения выявлены изменения частот аллелей и незначительное снижение аллельного разнообразия по сравнению с исходной популяцией. Для обеих исследованных пар птиц родство было подтверждено у всех птенцов с высокой степенью вероятности (P > 0,99). Полученные результаты расширяют представления о генетических особенностях популяции пингвинов Гумбольдта, содержащихся в Приморском океанариуме.

Работа выполнена на базе ЦКП «Приморский океанариум», ННЦМБ ДВО РАН (Владивосток).

Список литературы

1. Schwartz M.K., Boness D.J., Schaeff C.M., Majluf P., Perry E.A., Fleischer R.C. Female-solicited extra-pair matings in Humboldt penguins fail to produce extrapair fertilizations // Behavioral Ecology. 1999. Vol. 1. № 3. P. 242–250. DOI: 10.1093/beheco/10.3.242
2. Marasco A.C.M., Morgante J.S., Barrionuevo M., Frere S., de Mendonça Dantas G.P. Molecular evidence of extra-pair paternity and intraspecific brood parasitism by the Magellanic Penguin (*Spheniscus magellanicus*) // Journal of Ornithology. 2020. Vol. 161. P. 125–135. DOI: 10.1007/s10336-019-01720-4
3. de Mendonça Dantas G.P., Gonzaga L.G., da Silveira A.S., Werle G.B., Piuco R., Petry M.V. Extra-pair paternity and intraspecific brood parasitism in the Gentoo penguin (*Pygoscelis papua*) on Elephant Island, Antarctica // Polar Biology. 2020. Vol. 43. P. 851–859. DOI: 10.1007/s00300-020-02692-5
4. Shimura S., Zaitsu Y., Tadano R. Detection of extra-pair paternity in captive gentoo penguins using genetic analysis // Zoo biology. 2025. Vol. 45. DOI: 10.1002/zoo.70032
5. Schlosser J.A., Garner T.W.J., Dubach J.M., McElligott A.G. Characterization of microsatellite loci in Humboldt penguin (*Spheniscus humboldti*) and cross-amplification in other penguin species // Molecular Ecology Notes. 2003. Vol. 3. P. 62–64. DOI: 10.1046/j.1471-8286.2003.00349.x
6. Schlosser J.A., Dubach J., Garner T., Araya B., Bernal M., Simeone A., Smith K. Evidence for gene flow differs from observed dispersal patterns in the Humboldt penguin, *Spheniscus humboldti* // Conservation Genetics. 2008. Vol. 10. P. 839–849. DOI: 10.1007/s10592-008-9644-8

Информация об авторах:
Фоменко Мирослава Алексеевна, ORCID ID 0009-0002-2948-3301
Бондарь Евгения Игоревна, ORCID ID 0000-0001-7873-9372
Магарламов Тимур Юсифович, ORCID ID 0000-0003-4175-5007

DOI: 10.48612/altuhov/2026_01-40

Таксоны комплекса *Culex pipiens* и *Culex torrentium* отличаются по хромосомным инверсиям

Фэн Ифан[1], Лукьянчикова В.[1], Брусенцов И.И.[2], Карагодин Д.А.[2], Лян Цзянтао[1], Рыжкова А.[2], Бега А.Г.[3], Бурлак В.А.[2], Баричева Э.[2], Шарахова М.[1]*

[1]Политехнический институт и университет штата Виргиния, Блэксбург, Виргиния, США

[2]Институт цитологии и генетики СО РАН, Новосибирск, Россия

[3]Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова РАН, Москва, Россия

**e-mail: msharakh@vt.edu*

Chromosomal inversions differentiate taxa of the *Culex pipiens* complex and *Culex torrentium*

Feng Yifan[1], Lukyanchikova V.[1], Brusentsov I.I.[2], Karagodin D.A.[2], Liang Jiangtao[1], Ryzhkova A.[2], Bega A.G.[3], Burlak V.A.[2], Baricheva E.[2], Sharakhova M.[1]*

[1]Virginia Polytechnic Institute and State University, Blacksburg, VA, USA
[2]Institute of Cytology and Genetics, Novosibirsk, Russian Federation
[3]Vavilov Institute of General Genetics, Russian Academy of Sciences, Moscow, Russian Federation

**e-mail: msharakh@vt.edu*

Резюме. Хромосомные инверсии являются ключевыми факторами экологической адаптации и видообразования у комаров, переносчиков болезней человека, однако их роль в дифференцировке таксонов в роде *Culex* остается в значительной степени невыясненной из-за цитогенетических ограничений. Используя метод лигирования с захватом конформации хромосом высокого разрешения (Hi-C), мы картировали хромосомные перестройки у 22 линий комаров комплекса *Culex pipiens* (*Cx. pipiens s.s., Cx. p.* form *molestus* и *Cx. quinquefasciatus*) и родственного вида *Cx. torrentium*.
Ключевые слова: Culex, комары, хромосомные инверсии, диверсификация таксонов

Abstract. The *Culex pipiens* complex presents a challenge to mosquito taxonomy. The complex consists of four species, including *Cx. pipiens s.s.,* one subspecies, and one eco-physiological form, *Cx. pipiens* form *molestus*, whose taxonomic status is unclear. The diversification of closely related malaria mosquito species, as well as their ecological, behavioral, and physiological adaptations, are often associated with chromosomal inversions. However, chromosomal inversions have rarely been described in *Culex* mosquitoes due to the poor quality of their polytene chromosomes. For this study, we employed a molecular Hi-C proximity ligation technique to visualize chromosomal rearrangements in 22 *Culex pipiens* complex strains from around the world, as well as in *Culex torrentium.*
Keywords: Culex, mosquitoes, chromosomal inversions, taxon diversifications

We discovered 15 multi-megabase chromosomal inversions, ranging in size from 1.8 to 21.1 megabases (Mb), which were unevenly distributed along the chromosomes. We classified the inversions as common, present in several *Cx. pipiens* complex taxa, or taxon-specific, present only in one taxon. Pipiens-specific chromosomal inversions were the most abundant and widely spread through populations of this species in North America and Eurasia. Strikingly, the presence of a polymorphic chromosomal inversion on chromosome 1 distinguishes the physiological forms *pipiens* and *molestus*, which supports their taxonomic status as distinct evolutionary lineages. Since a polymorphic inversion system on the 1p arm distinguishes the ornithophilic (avian-feeding) *Cx. pipiens* s.s. and the anthropophilic (human-feeding) *Cx. p.* form *molestus* we hypothesize that it can be involved in behavioral difference between the forms. Breakpoint analysis revealed that these form-specific inversions share a common breakpoint but differ at the other by 375 kb. This variable region contains a dense cluster of six female antenna-expressed odorant receptor (OR) genes (OR73–OR79). The analysis of the Hi-C contact maps suggests that this inversion may alter the 3D chromatin architecture, rewiring Topologically Associating Domain (TAD) boundaries possibly shifting promoter-enhancer interactions in the pupal and adult stages. The presence of two fixed inversions in *Cx. torrentium* indicates its distant relationship with members of the *Cx. pipiens* complex. Additionally, we detected non-random distribution of chromosomal inversions among chromosomal elements, with their

prevalence in the 1p and 3q arms, which are homologous to the inversion-rich 2R arm in the *An. gambiae* complex and the 1q/3p arms in the *Ae. aegypti* complex.

Thus, our study confirmed that the Hi-C proximity ligation method reliably identifies chromosomal rearrangements in mosquitoes from the *Cx. pipiens* complex. Our findings suggest that inversions are abundant in natural populations and can contribute to ecological adaptations and taxon diversification of these mosquitoes.

Мы обнаружили 15 мультимегабазных инверсий, идентифицировав основной эволюционный «центр инверсий» на коротком плече хромосомы 1 (плечо 1p) - район формирования множественных инверсий у видов комплекса. *Culex pipiens s.s.* оказался наиболее полиморфным по количеству внутривидовых инверсий, распространенных по всему ареалу обитания вида и возможно влияющих на его экологическую адаптацию. Мы также обнаружили полиморфную систему из двух инверсий на плече 1p, которая отличает орнитофильную (питающуюся птицами) форму *Cx. pipiens s.s.* от антропофильной (питающейся человеком) формы *Cx. p.* form *molestus.* Анализ точек разрыва показал, что эти специфичные инверсии имеют одну общую точку разрыва, но различаются по другой точке разрыва на 375 кб. Этот вариабельный регион содержит кластер из шести генов рецепторов запаха (OR), экспрессирующихся в антеннах самок (OR73–OR79). Наличие двух фиксированные инверсий у *Cx. torrentium* подтверждают его глубокую геномную дивергенцию от видов комплекса *Cx. pipiens*. Наши результаты подтверждают таксономический статус *Cx. p.* form *molestus*, как отдельной эволюционной единицы, возможно, вида. Анализ хромосомных перестроек в комплексе *Cx. pipiens* также указывает на их вовлеченность в процессы адаптации и дивергенции поведения у основных переносчиков арбовирусов.

Author Information:
Feng Yifan, ORCID 0009-0008-7455-2146
Lukyanchikova Varvara, ORCID 0000-0002-1828-4721
Brusentsov Ilya I., ORCID 0000-0003-3104-2441
Karagodin Dmitry A., ORCID 0000-0002-2064-3738
Liang Jiangtao, ORCID 0000-0002-8468-7457
Ryzhkova Anastasiya, ORCID 0000-0003-1751-7586
Bega Anna G., ORCID 0000-0002-0011-7642
Burlak Vladimir A., ORCID 0000-0002-9090-4315
Baricheva Elina M., ORCID 0000-0001-7486-5187
Sharakhova Maria V., ORCID ID 0000-0002-5790-3548

DOI: 10.48612/altuhov/2026_01-41

Генетическая изменчивость и родственные связи в искусственной популяции белух *Delphinapterus leucas* «Приморского океанариума» – филиала ННЦМБ ДВО РАН

Ягодина В.Д.[1,2]*, Батищева Н.М.[2], Каменская Д.Н.[2]

[1]«Приморский океанариум» – филиал Национального научного центра морской биологии им. А.В. Жирмунского ДВО РАН, Владивосток, Россия

[2]Национальный научный центр морской биологии им. А.В. Жирмунского ДВО РАН, Владивосток, Россия

**e-mail: iagodinavd@gmail.com*

Genetic variability and relatedness in the captive population of beluga whales (*Delphinapterus leucas*) at the Primorsky Aquarium – Branch of the NSCMB FEB RAS

Yagodina V.D.[1,2]*, Batishcheva N.M.[2], Kamenskaya D.N.[2]

[1]*"Primorsky Aquarium", A. V. Zhirmunsky National Scientific Center of Marine Biology, Far Eastern Branch, Russian Academy of Sciences, Vladivostok, Russia*

[2]*Zhirmunsky National Scientific Center of Marine Biology, Far East Branch, Russian Academy of Sciences, Vladivostok, Russia*

**e-mail: iagodinavd@gmail.com*

Резюме. Проведена генетическая паспортизация десяти особей белух (*Delphinapterus leucas*), содержащихся в Приморском океанариуме, с использованием панели высокополиморфных микросателлитных локусов. Определены вероятные родственные связи между животными, что будет способствовать созданию устойчивой популяции белух в искусственных условиях. Отцовство двух детенышей, рожденных в неволе в Приморском океанариуме, также было установлено. Анализ родительства методом полного исключения позволил подтвердить одного из трех потенциальных отцов. Данная работа закладывает основу для систематического ведения племенного учета и подчеркивает критическую важность обмена генетическими данными для устойчивого управления популяциями морских млекопитающих, рожденных в искусственной среде.
Ключевые слова: генетическая изменчивость, определение родства, определение отцовства, микросателлиты

Abstract. Genetic profiling was conducted for ten beluga whales (*Delphinapterus leucas*) residing at the Primorsky Aquarium using a panel of highly polymorphic microsatellite loci. Probable kinship relationships among the animals were determined, which will facilitate the establishment of a sustainable beluga population in captive environments. The paternity of two calves born in captivity at the Primorsky Aquarium was also successfully established. Parentage analysis via complete exclusion confirmed one of the three potential fathers. This work paves the way for systematic pedigree tracking and emphasizes the critical importance of genetic data exchange for the sustainable management of zoo-born marine mammals.
Keywords: genetic variability, relatedness, paternity assessment, microsatellites

В настоящее время в океанариумах и зоопарках по всему миру проживают представители разных видов морских млекопитающих: моржи, морские котики, белухи, нерпы, морские львы и т.д. Среди содержащихся в океанариумах животных большой исследовательский интерес представляют белые киты, или белухи. *Delphinapterus leucas* – вид зубатых китов семейства нарваловых. Белухи, как и подавляющее большинство зубатых китообразных, являются типичными социальными животными, образующими сообщества, в которых его члены постоянно контактируют друг с другом [1]. Ввиду возможного размножения животных в неволе, многие современные океанариумы и зоопарки взяли на себя дополнительные обязанности по надлежащему уходу и программам разведения. Существует две основных цели генетического управления такими программами – сохранение генетического разнообразия и изучение взаимоотношений и состояний родства между особями в популяциях, находящихся под давлением инбридинга [2]. Для поддержания генетически здоровых небольших популяций в неволе необходимо знать их точную родословную. Неполные или неизвестные родословные приводят к невозможности точного расчета родства, тем самым затрудняя генетическое управление. Стратегия отбора пар для разведения подразумевает отбор тех пар, которые в среднем демонстрируют низкое родство с остальной частью выборки. Достижения в области молекулярной генетики предоставили мощные инструменты для

определения этих отношений *ex situ*. Анализ микросателлитной ДНК является быстрым и точным методом, в том числе для исследований отцовства и популяций у диких и содержащихся в неволе животных. Изучение изменчивости микросателлитных локусов проводилось также и для *D. leucas*, как для диких популяций [3], так и для живущих в океанариуме.

Приморский океанариум — один из крупнейших океанариумов в России, масштабный научно-образовательный комплекс. В дельфинарии и на базе исследований морских млекопитающих (БИММ) Приморского океанариума живут десять белух. В августе 2021 года белуха Джессика стала мамой, ее дочь назвали Калина. В мае 2024 года на свет появился второй детеныш Джессики – Дея. Это первый в России случай рождения белого кита в условиях дельфинария. Создание на базе Приморского океанариума генетически репрезентативной и демографически устойчивой резервной (*ex situ*) популяции белух, способной к самовоспроизводству, является стратегическим вкладом в сохранение биоразнообразия и научное обеспечение охраны этого вида в естественной среде обитания.

С помощью панели описанных в литературе высокополиморфных микросателлитных локусов методом строгого исключения было установлено отцовство двух белух, рожденных в океанариуме. В обоих случаях родительство было подтверждено для одного и того же самца. Дополнительно были проанализированы генетические профили взрослых особей. Установлено, что некоторые из них могут состоять в близком родстве: коэффициент родства (r) составил 0.46 (доверительный интервал от 0.269 до 0.797), что соответствует уровню полнородных сибсов. Таким образом, использование генетических маркеров в сочетании с этологическими наблюдениями обеспечит более глубокое понимание социальных взаимодействий и степени родства в популяциях, размножающихся в условиях *ex situ* и находящихся под давлением инбридинга.

Исследование частично проведено на площадке ЦКП «Приморский океанариум», ННЦМБ ДВО РАН.

Список литературы

1. Krasnova V.V., Chernetsky A.D., Zheludkova A.I., Bel'kovich V.M. Parental behavior of the beluga whale (*Delphinapterus leucas*) in natural environment // Biology Bulletin. 2014. Vol. 41. P. 349–356. DOI:10.1134/S1062359014040062
2. Norman A.J., Putnam A.S., Ivy J.A. Use of molecular data in zoo and aquarium collection management: benefits, challenges, and best practices // Zoo Biology. 2019. Vol. 38(1). P. 106–118. DOI:10.1002/zoo.21451
3. Buchanan F.C., Friesen M.K., Littlejohn R.P., Clayton J.W. Microsatellites from the beluga whale *Delphinapterus leucas* // Molecular Ecology. 1996. Vol. 5(4). P. 571–575. DOI:10.1111/j.1365-294X.1996.tb00348.x

Информация об авторах:
Ягодина Виктория Дмитриевна, ORCID ID 0000-0002-3304-6422
Батищева Наталья Михайловна, ORCID ID 0000-0001-8837-0599
Каменская Дарья Николаевна, ORCID ID 0000-0002-5039-0049

DOI: 10.48612/altuhov/2026_02-01

Кариогеномный анализ хозяйственно ценных видов амаранта

Амосова А.В.[1]*, Зощук С.А.[1], Семенов А.Р.[1], Гинс М.С.[2], Кальнюк Ю.В.[1], Юркевич О.Ю.[1], Муравенко О.В.[1]

[1]Федеральное государственное бюджетное учреждение науки Институт молекулярной биологии им. В.А. Энгельгардта Российской академии (ИМБ РАН), Москва, Россия

[2]Федеральный научный центр овощеводства (ФГБНУ «ФНЦО»), Московская область, п. ВНИИССОК, Россия

**e-mail: amomar@mail.ru*

Karyogenomic analysis of economically valuable amaranth species

Amosova A.V.[1]*, Zoshchuk S.A.[1], Semenov A.R.[1], Gins M.S.[2], Kalnyuk J.V.[1], Yurkevich O.Yu.[1], Muravenko O.V.[1]

[1]Engelhardt Institute of Molecular Biology, Russian Academy of Sciences, Moscow, Russia

[2]Federal State Budgetary Scientific Institution, Federal Scientific Center for Vegetable Growing, VNIISSOK, Moscow Region, Russia

**e-mail: amomar@mail.ru*

Резюме. Представители рода *Amaranthus* L. являются перспективными хозяйственно ценными видами растений многоцелевого использования, однако их кариотипы, а также таксономия и эволюция рода остаются недостаточно изученными. Впервые исследованы репитомы четырех видов амаранта с помощью биоинформатического анализа данных высокопроизводительного секвенирования и FISH хромосомного картирования идентифицированных ДНК повторов. Проведен подробный сравнительный анализ кариотипов этих видов, и получены важные сведения о родственных взаимоотношениях внутри рода *Amaranthus*.

Ключевые слова: Amaranthus L., репитом, кариотип, молекулярно-цитогенетические маркеры, хромосомная изменчивость

Abstract. Many members of the genus *Amaranthus* L. are promising economically valuable species with wide applications, but their karyotypes, as well as the taxonomy and evolution of the genus, remain insufficiently studied. For the first time, the repeatomes of four amaranth species were studied using bioinformatic analysis of high-throughput sequencing data and FISH chromosome mapping of the identified DNA repeats. A detailed comparative analysis of karyotypes of these species was conducted and important insights into the relationships within the genus *Amaranthus* were obtained.

Keywords: Amaranthus L., repeatome, karyotype, molecular cytogenetic markers, chromosome diversity

Амарант – это перспективная сельскохозяйственная культура, известная как источник биологически ценных веществ, таких как сбалансированного по аминокислотному составу белка, витаминов, микроэлементов, сквалена и других соединений, важных для нормальной жизнедеятельности человека и с/х животных. Род *Amaranthus* L. включает в себя культурные виды многоцелевого назначения, которые, однако, характеризуются высоким морфологическим разнообразием и сложной таксономией [1]. Их кариотипы и геномные взаимоотношения все еще остаются недостаточно изученными [2]. В настоящей работе впервые был проведен сравнительный

анализ репитомов хозяйственно ценных видов *Amaranthus tricolor* L., *A. cruentus* L. и *A. hypochondriacus* L. на основе биоинформатического анализа данных высокопроизводительного секвенирования с использованием конвейеров Repeat Explorer2/TAREAN/DANTE_LTR [3]. Были выявлены межвидовые различия по количеству ретроэлементов Ty1 Copia и Ty3 Gypsy, ДНК-транспозонов, рибосомной и сателлитной ДНК. В репитомах этих видов амаранта были идентифицированы семейства сателлитных ДНК, проведен их сравнительный анализ по BLAST и созданы на их основе олигонуклеотидные пробы для проведения флуоресцентной гибридизации *in situ* (FISH). Впервые методом FISH на хромосомах четырех видов амаранта (*A. tricolor*, *A. cruentus*, *A. paniculatus* L. и *A. hypochondriacus*) проведен сравнительный анализ распределения повторов 45S рДНК, 5S рДНК, а также олигонуклеотидных проб AmC9 и AmC70 семейств сателлитных ДНК, идентифицированных в геноме *A. cruentus*. На основе рисунков распределения изученных молекулярно-цитогенетических маркеров были построены уникальные кариограммы этих ценных видов амаранта. Исследование межвидового геномного разнообразия и сходства по содержанию ДНК-повторов по последовательностям идентифицированных сателлитных ДНК, а также по рисункам локализации изученных хромосомных маркеров показало, что изучаемые виды амаранта имеют общего эволюционного предка. Вместе с тем выявлено, что геномы *A. cruentus*, *A. paniculatus* и *A. hypochondriacus* были более схожими между собой по сравнению с *A. tricolor*. Полученные в данной работе результаты показали, что цитогеномные исследования могут представлять важные сведения о родственных взаимоотношениях видов внутри рода *Amaranthus*, проясняя таксономию и эволюцию этой хозяйственно ценной культуры.

Работа поддержана Программой фундаментальных научных исследований в Российской Федерации (2021 - 2030 годы) (тема 124031500018-1).

Список литературы

1. Assad R., Reshi Z.A., Jan S., Rashid I. Biology of *Amaranthus* // Bot. Rev. 2017. V. 83. P. 382–436. DOI:10.1007/s12229-017-9194-1
2. Prajitha V., Thoppil J.E. Cytogenetic characterization of *Amaranthus caudatus* L. and *Amaranthus hybridus* subsp. *cruentus* (L.) // Cytotechnology. 2018. V. 70. P. 95–101. DOI: 10.1007/s10616-017-0100-9
3. Novák P., Neumann P., Macas J. Global analysis of repetitive DNA from unassembled sequence reads using RepeatExplorer2 // Nat. Protoc. 2020. V. 15. 3745–3776. DOI: 10.1038/s41596-020-0400-y

Информация об авторах:
Амосова Александра Владимировна, ORCID ID 0000-0002-5208-6702
Зощук Святослав Анатольевич, ORCID ID 0000-0003-1529-8084
Семенов Алексей Романович, ORCID ID 0009-0003-7377-6571
Гинс Мурат Сабирович, ORCID ID 0000-0001-5995-2696
Кальнюк Юлия Витальевна, ORCID ID 0009-0004-0049-3420
Юркевич Ольга Юрьевна, ORCID ID 0000-0003-4124-2367
Муравенко Ольга Викторовна, ORCID ID 0000-0003-3150-8598

DOI: 10.48612/altuhov/2026_02-02

Создание ISAP-маркеров для быстрого анализа полиморфизма природных популяций различных видов семейств Rosacea и Cucurbitaceae

Антонова О.Ю.[1,2]*, Камнев А.М.[1], Лапкасов М.Е.[1], Жидяева С.В.[1,2], Моргачева М.Д.[2], Маркова Е.Н.[1,2]

[1]*Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова, Санкт-Петербург, Россия*

[2]*Научно-технологический университет 'Сириус', Научный центр генетики и наук о жизни, Краснодарский край, Россия*

**e-mail: olgaant326@mail.ru*

Development of ISAP markers for the rapid analysis of polymorphism in natural populations of various species from the Rosaceae and Cucurbitaceae families

Antonova O.Yu.[1,2]*, Kamnev A.M.[1], Lapkasov M.E.[1], Zhidyaeva S.V.[2], Morgacheva M.D.[2], Markova E.N.[2]

[1]*N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources, St. Petersburg, Russia*

[2]*Sirius University of Science and Technology, Research Center of Genetics and Life Sciences, Krasnodar Territory, Russia*

**e-mail: olgaant326@mail.ru*

Резюме. Для разных видов семейств Rosaceae Juss и Cucurbitaceae Juss разработаны системы ISAP-маркеров, основанных на полиморфизме распределения в геноме ретротранспозонов типа SINE. При помощи *in silico*-анализа в полногеномных последовательностях земляники, малины, розы, люффы и лагенарии выявлены SINE-элементы; после их кластеризации и выравнивания разработаны праймеры, специфичные для отдельных семейств транспозонов. Показан высокий уровень полиморфизма, выявляемый у изучаемых видов при помощи отобранных маркеров, в сочетании с достаточно хорошей воспроизводимостью результатов.

Ключевые слова: ретротранспозоны, SINE, ISAP-маркеры, Rosaceae, Cucurbitaceae

Abstract. ISAP marker systems based on the genomic distribution of SINE- retrotransposons have been developed for various species of the Rosaceae Juss. and Cucurbitaceae Juss. families. SINE elements were identified through *in silico*-analysis of the whole-genome sequences of strawberry, raspberry, rose, luffa, and bottle gourd; following clustering and alignment, primers specific to individual transposon families were designed. The selected markers revealed a high level of polymorphism in the studied species, combined with good reproducibility of results.

Keywords: retrotransposons, SINE, ISAP-markers, Rosaceae, Cucurbitaceae

Одной из важнейших задач популяционной биологии является оценка генетического разнообразия природных популяций различных видов растений и популяций, поддерживаемых ex situ. Для анализа меж- и внутрипопуляционного полиморфизма обычно используют различные системы мультилокусных маркеров: SCoT-, ISSR- и ретротранспозонные маркеры, такие как iPBS, IRAP, REMAP, SSAP [1-5]. Преимуществом всех вышеперечисленных маркерных систем является генерация у одного генотипа большого числа полиморфных ДНК-фрагментов (что значительно сокращает число необходимых экспериментов) и возможность быстрого анализа значительного

числа генотипов в дешевых агарозных гелях. Общим слабым местом этих маркеров может быть недостаточная специфичность, поскольку они используют или один короткий праймер, или пару праймеров, каждый из которых не является специфичным к определенной последовательности.

Интересной в этом аспекте является технология ISAP-маркеров, основанная на анализе распределения в геноме ретротранспозонов типа SINE (Short Interspersed Nuclear Elements). Это короткие последовательности (до 500 пар нуклеотидов), которые не содержат кодирующих белки генов и поэтому нуждаются для транспозиции в присутствии других ретротранспозонов. SINE-элементы крайне гетерогенны, однако у них существуют общие особенности строения: наличие участков связывания РНК-полимеразы (А и В боксы), а также поли(А)- или поли(Т) последовательностей на 3'-конце, кроме того, они окружены дуплицированными таргет-сайтами (TSD). Эти специфичные участки используются для поиска SINE-элементов в геномах биоинформатическими методами [6].

Для ISAP-анализа используется пара специфичных к SINE- последовательности праймеров, расположенных «хвост к хвосту», то есть направленных друг от друга. Образующийся ампликон содержит в себе участки ретротранспозонов и последовательность ДНК между ними. Применение двух специфичных праймеров увеличивает воспроизводимость результатов анализа.

Из-за высокой гетерогенности SINE-элементов создание маркеров необходимо проводить специально для каждой культуры. Нами было разработано несколько систем ISAP-маркеров для анализа природных популяций различных видов семейств Rosaceae Juss и Cucurbitaceae Juss. Для этого с помощью программы SINE-Finder [6] проведен *in silico*-анализ полногеномных сборок ДНК следующих видов:

- земляники садовой *Fragaria* × *ananassa* Duch. (сборка Fragaria × ananassa Camarosa Genome Assembly v1.0.a1),
- земляники лесной *Fragaria vesca* L. (Fragaria vesca 'Hawaii 4' NAU Genome v1.0),
- земляники зеленой *F. viridis* (Duch.) West. (Fragaria viridis YNG Genome v1.0),
- малины западной *Rubus occidentalis* L. (Rubus occidentalis Whole Genome v3.0 Assembly & Annotation),
- розы морщинистой *Rosa rugosa* Thunb. (Genome assembly Genome assembly drRosRugo1.1, GCA_958449725.1),
- люффы цилиндрической *Luffa cylindrica* M.Roem. (BioProject PRJNA549055)
- лагенарии обыкновенной *Lagenaria siceraria* (Molina) Standl. (BioProject PRJNA200441).

В гаплоидных геномах представителей семейства Розовые было выявлено от 857 (*Fragaria viridis*) до 3477 (*Rosa rugosa*) SINE-элементов. У тыквенных культур гаплоидный геном *L. cylindrica* содержал 13431 SINE-элемент, а геном *L. siceraria* – 11163 элемента. Во всех случаях распределение ретротранспозонов по хромосомам оказалось неравномерным. Например, у лагенарии наибольшее количество SINE сконцентрировано на трёх хромосомах – II (1423), V (1387) и IX (1356), тогда как на остальных хромосомах их число достоверно ниже – от 721 до 968. У малины достоверно больше SINE содержали хромосомы VI и VII.

Найденные SINE-элементы для каждой культуры были выравнены с помощью программы ClustalO и разделены на семейства. У последовательностей, входящих в один кластер, установлены консервативные участки, к которым были разработаны специфичные праймеры для ISAP-анализа.

Апробацию праймеров проводили на ограниченных выборках 20 – 48 образцов видов того рода, чей геном был использован для *in silico*-анализа. В результате для каждого вида были отобраны высоко полиморфные маркеры. Так, у малины отобранные праймеры генерировали у одного генотипа от 9 до 20 ПЦР-фрагментов различной подвижности, среднее число аллелей на образец в зависимости от маркера составило от 4,8 до 12. Аналогично, при использовании праймеров на основе последовательности *Rosa rugosa* для амплификации ДНК розы и шиповника среднее число аллелей у одного образца выборки составило от 3,2 до 8,6 при среднем по всем маркерам 5,5. Параллельный анализ двух независимо выделенных из одного генотипа проб ДНК показал достаточно хорошую воспроизводимость результатов.

Также была проверена возможность применения праймеров, разработанных для одного рода, для амплификации ДНК представителей другого. В семействе Rosaceae праймеры, специфичные к SINE-последовательностям генома рода *Rosa*, оказались способны генерировать ПЦР-продукты у представителей других культур, таких как вишня, груша и земляника, однако наблюдаемый полиморфизм был существенно ниже – число фрагментов у генотипа редко превышало 2 или 3. Тем самым нивелировалось основное преимущество ISAP-маркеров – высокий уровень выявляемого полиморфизма.

Напротив, в семействе Cucurbitaceae праймеры, разработанные на основе последовательностей генома люффы, очень успешно амплифицировали ДНК практически всех тыквенных, включая огурец, тыкву, кабачок, дыню, арбуз, лагенарию, трихозант и даже бешеный огурец *Ecballium elaterium* (L.) A. Rich.

Таким образом, разработанные нами ISAP-маркеры позволяют эффективно анализировать генетическое разнообразие популяций различных видов. По информативности они сопоставимы с традиционными мультилокусными маркерами и при этом имеют достаточно хорошую воспроизводимость. В настоящее время нами начаты работы по изучению генетического разнообразия популяций различных видов малины и земляники на территории Алтайского края и Республики Алтай, популяций ежевики и розы на территории Имеретинской низменности и прилегающих к ней районов, а также популяций адвентивных видов тыквенных на Черноморском побережье Кавказа.

Благодарности: результаты получены при финансовой поддержке исследования, реализуемого в рамках государственной программы федеральной территории «Сириус» «Научно-технологическое развитие федеральной территории “Сириус”» (соглашение № 18-03 от 10.09.2024).

Список литературы

1. Нечаева Ю.С., Боронникова С.В., Юсупов Р.Р., Хайнце Б. Изучение полиморфизма ISSR-маркеров в природных и искусственных популяциях лиственницы // Фундаментальные исследования. 2013. № 6-6. С. 1426-1431
2. Leśniowska-Nowak, J.; Okoń, S.; Wieremczuk, A. Molecular diversity analysis of genotypes from four *Aegilops* species based on retrotransposon–microsatellite amplified polymorphism (REMAP) markers // Cereal Res. Commun. 2021, V. 49. P. 37 – 44. DOI: 10.1007/s42976-020-00086-1
3. Dongare M.D., Alex S., Soni,K.B., Sindura K.P.,Nair D.S., Stephen R., Jose E. Cross-species transferability of IRAP retrotransposon markers and polymorphism in black pepper (*Piper nigrum* L.) // *Genet. Resour. Crop Evol.* 2023. V. 70. P. 2593–2605. DOI: 10.1007/s10722-023-01590-z
4. Rai M.K. Start codon targeted (SCoT) polymorphism marker in plant genome analysis: current status and prospects // Planta. 2023. V. 257, P. 34. DOI: 10.1007/s00425-023-04067-6
5. Coşkun Ö.F., Toprak S., Mavi K. Molecular characterization and population structure analysis of luffa (*Luffa aegyptiaca* Mill.) germplasm using inter-Primer Binding Site (iPBS) retrotransposon markers // Genet Resour Crop Evol. 2025. V. 72. P. 6803–6814. DOI: 10.1007/s10722-025-02365-4

6. Wenke T., Döbel T., Sörensen T.R., Junghans H., Weisshaar B., Schmidt T. Targeted identification of short interspersed nuclear element families shows their widespread existence and extreme heterogeneity in plant genomes // The Plant Cell. 2011. V.;23. P. 3117–3128. DOI: 10.1105/tpc.111.088682

Информация об авторах:
Антонова Ольга Юрьевна, ORCID ID 0000-0001-8334-8069
Камнев Антон Михайлович, ORCID ID 0000-0001-8103-2191
Лапкасов Михаил Евгеньевич, ORCID ID 0009-0006-0178-0805
Жидяева Серафима Валерьевна, ORCID ID 0009-0000-2982-0115
Моргачева Маргарита Дмитриевна, ORCID ID 0009-0001-3950-8034
Маркова Елена Николаевна, ORCID ID 0000-0002-9454-6594

DOI: 10.48612/altuhov/2026_02-03

Разнообразие паттернов гибридизации в зоне перекрывания ареалов сибирской кедровой сосны и кедрового стланика

Белоконь М.М.[1]*, Белоконь Ю.С.[1], Петрова Е.А.[2], Политов Д.В.[1], Горошкевич С.Н.[2]
[1]Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова Российской академии наук, Москва, Россия
[2]Институт мониторинга климатических и экологических систем Сибирского отделения Российской академии наук, Томск, Россия
**e-mail: belokon@vigg.ru*

Hybridization patterns diversity in the zone of overlapping ranges of Siberian stone pine and dwarf Siberian pine

Belokon M.M.[1]*, Belokon Yu.S. [1], Petrova E.A.[2], Politov D.V.[1], Goroshkevich S.N.[2]
[1]Vavilov Institute of General Genetics Russian Academy of Sciences, Moscow, Russia
[2]Institute of Monitoring of Climatic and Ecological Systems, Siberian Branch Russian Academy of Sciences, Tomsk, Russia
**e-mail: belokon@vigg.ru*

Резюме. Исследованы 13 популяций из зоны перекрывания ареалов сибирской кедровой сосны (*Pinus sibirica* Du Tour) и кедрового стланика (*Pinus pumila* (Pall.) Regel). При помощи ядерных кодоминантных маркеров (аллозимов) и органельных маркеров мт- и хпДНК выявлены межвидовые гибриды. Показано, что в некоторых гибридных комплексах гибридизация идет далее первого поколения, включая возвратные скрещивания, а ее направление зависит от представленности родительских видов и гибридов в насаждениях. В восточной части зоны симпатрии отмечается интрогрессия митохондриальных геномов *P. pumila* в генофонд *P. sibirica*, что, по-видимому, способствует адаптации вида к более суровым условиям климата.
Ключевые слова: сибирская кедровая сосна, кедровый стланик, гибридизация, интрогрессия, аллозимы, мтДНК, хпДНК

Abstract. Thirteen populations from the zone of range overlap between the Siberian stone pine (*Pinus sibirica* Du Tour) and the dwarf Siberian pine (*Pinus pumila* (Pall.) Regel) were investigated. Interspecific hybrids were identified using nuclear codominant markers (allozymes) and organellar mt- and cp-DNA markers. It was demonstrated that in certain hybrid complexes, hybridization proceeds beyond the first generation – including backcrossing – and the direction of this process depends on the relative abundance of parental species and hybrids within the stands. In the eastern part of the zone of sympatry, introgression of *P. pumila* mitochondrial

genomes into the *P. sibirica* gene pool is observed; this appears to facilitate this species adaptation to climatic conditions.
Keywords: Siberian stone pine, dwarf Siberian pine, hybridization, introgression, allozymes, mtDNA, cpDNA

Глобальные изменения климата приводят к сокращению и расширению видовых ареалов растений и животных. Возникают зоны перекрывания ареалов родственных по происхождению видов, которые до того были изолированы. В зонах вторичного контакта часто происходит гибридизация с различными последствиями для исходных видов.

Сибирская кедровая сосна, *Pinus sibirica* Du Tour, и кедровый стланик, *Pinus pumila* (Pall.) Regel (Pynophyta: Pinales, Pinaceae), согласно современным филогенетическим исследованиям [1, 2] произошли от общей предковой линии из Восточной Азии, разделившейся в середине олигоцена – начале миоцена. Распространение кедрового стланика на континенте происходило вдоль побережья Тихого океана и далее вглубь континента. Предок сибирской кедровой сосны ранее имел обширный ареал, во время климатических оптимумов достигавший Западной Европы и впоследствии разделившийся на два вида – сибирскую и европейскую кедровые сосны. Фрагментация ареала под действием климатических изменений привела к формированию нескольких рефугиумов в континентальных горных системах, откуда происходило расселение вида, в том числе в восточном направлении.

Современные ареалы *P. sibirica* и *P. pumila* перекрываются от побережья оз. Байкал до восточных пределов Забайкалья и Южной Якутии, формируя зону вторичного контакта. Сибирская сосна является компонентом таёжных лесов на склонах горных хребтов Хамар-Дабана и отрогов Станового и Алданского нагорий, чаще всего распространена вдоль речных долин. Стланик на этой территории встречается от низинных таёжных биотопов до подгольцового пояса высокогорий. Растения *P. sibirica*, как правило, имеют характерную древовидную форму с одним прямостоячим стволом. *P. pumila – «*стелящееся дерево», часто многоствольное, с полегающими ветвями. Виды отличаются по форме и окрасу хвои и шишек. В местах их совместного произрастания встречаются особи с промежуточными морфологическими признаками, гибридная природа которых подтверждается генетическими исследованиями.

Генетические маркеры с различным типом наследования позволяют устанавливать не только факты гибридизации, но и прослеживать потоки генов между видами. Кроме бипарентально наследуемых ядерных генов, в таких исследованиях используются последовательности митохондриальной и хлоропластной ДНК с унипарентальным наследованием. МтДНК у большинства представителей семейства Сосновые (Pinaceae) наследуется по материнской линии, а хпДНК – по отцовской.

Нами проанализированы генотипы представителей двух видов и гибридных растений из 13 популяций в зоне симпатрии. На побережье оз. Байкал в местах совместного произрастания происходит интенсивная разнонаправленная гибридизация с образованием гибридов первого и второго поколений, а также беккроссов [3]. В горах Южного Забайкалья гибридизация хоть и происходит массово, но гибриды далее F1 встречаются реже [4]. В северо-восточной части зоны перекрывания ареалов (Алданское нагорье) встречаются гибриды F1, ряд из которых по морфологическим признакам были отнесены к *P. sibirica*. Генетический анализ показал, что у всех растений *P. sibirica* из части ареала восточнее г. Ленска присутствует мтДНК, характерная для *P. pumila*, при

этом ядерные геномы характерны для *P. sibirica,* что свидетельствует о древних гибридизационных событиях [5, 6].

Недавнее исследование двух гибридных комплексов из восточной части зоны симпатрии (перевал Кодар и окрестности оз. Леприндо) продемонстрировало, что при определенных условиях среды может происходить постепенное замещение ядерных геномов стланика на ядерные геномы сибирской сосны путем многократной однонаправленной гибридизации в ряду поколений [7]. Состав гибридного комплекса в выборке Кодар весьма разнообразен и демонстрирует сходство с популяцией из Баргузинского заповедника: материнскими растениями преимущественно выступает кедровая сосна, реже стланик или гибриды. Чаще всего гибридные растения представляют собой беккроссы – результат опыления пыльцой *P. sibirica*. Также присутствуют беккроссы с *P. pumila* и гибриды первого и второго поколений. Полного замещения мтДНК не происходит. Вероятно, в данном случае мы наблюдаем начальные этапы гибридизации, не зашедшей далее образования гибридов второго поколения или беккроссов на родительские виды. В расположенной в 40 км восточнее (западная часть Чарской котловины) выборке Леприндо сибирская кедровая сосна отсутствует, однако, генотипы гибридных растений указывают на постепенную интрогрессию генетического материала сибирской кедровой сосны в генофонд кедрового стланика за счет переопыления гибридов пыльцой *P. sibirica*. Более мягкие условия обитания вблизи крупного озера могут способствовать сохранению гибридных растений и участию их в процессе размножения. Гибриды, аккумулируя в своем геноме адаптивные аллели от *P. pumila,* могут оказаться более устойчивыми к условиям среды, чем растения *P. sibirica*.

Исследование гибридных популяций, представленности в них особей разной степени гибридности и адаптивного преимущества определенных генотипов в локальных условиях среды остается актуальной задачей популяционной генетики и эволюционной биологии. Дальнейшее изучение на геномном уровне интрогрессивных процессов, происходящих в гибридных сообществах *P. sibirica* и *P. pumila*, может иметь практическое значение для предсказания изменения ареалов в связи с изменением климата, и для выявления генетических вариантов, связанных с приспособленностью к экологическим условиям.

Список литературы

1. Hao Z., Liu Y., Nazaire M., Wei X., Wang X. Molecular phylogenetics and evolutionary history of sect. *Quinquefoliae* (*Pinus*): Implications for Northern Hemisphere biogeography // Molecular Phylogenetics and Evolution. 2015. V. 87. P. 65–79.
2. Jin W.-T., Gernandt D. S., Wehenkel C., Xia X.-M., Wei X. X., Wang X.-Q. Phylogenomic and ecological analyses reveal the spatiotemporal evolution of global pines // PNAS. 2021. V. 118. No. 20. e2022302118. P. 1-11 DOI: 10.1073/pnas.2022302118.
3. Петрова Е.А., Горошкевич С.Н., Политов Д.В., Белоконь М.М., Попов А.Г., Васильева Г.В. Семенная продуктивность и генетическая структура популяций в зоне естественной гибридизации кедра сибирского и кедрового стланика // Хвойные бореальной зоны. 2007. Т. 24. № 2-3. С. 329-335.
4. Петрова Е.А., Горошкевич С.Н., Белоконь М.М. Белоконь Ю.С. Политов Д.В. Естественная гибридизация кедра сибирского (Pinus sibirica Du Tour) и кедрового стланика (Pinus pumila (Pallas) Regel) в южном Забайкалье // Хвойные бореальной зоны. 2012. Т. XXX. № 1-2. С. 152-156.
5. Petrova E.A., Zhuk E.A., Popov A.G., et al. Asymmetric introgression between *Pinus sibirica* and *Pinus pumila* in the Aldan plateau (Eastern Siberia) // Silvae Genetica. 2018. V. 67. P. 66 -71. DOI: 10.2478/sg-2018-0009
6. Белоконь М.М., Белоконь Ю.С., Петрова Е.А. и др. Древняя и современная гибридизация сибирской кедровой сосны и кедрового стланика на юге Якутии // Генетика. 2022. Т. 58. № 11. С. 1240–1250. DOI: 10.31857/S0016675822110029

7. Белоконь М.М., Белоконь Ю.С., Петрова Е.А. и др. Чарская котловина – «горячая точка» гибридизации кедрового стланика и сосны кедровой сибирской // Генетика. 2026. Т. 62. № 11. С. 8–19. DOI: 10.7868/S3034510326110014

Информация об авторах:
Белоконь Марьяна Михайловна, ORCID ID 0000-0003-1642-5225
Белоконь Юрий Сергеевич, ORCID ID 0000-0003-4880-2160
Петрова Елена Александровна, ORCID ID 0000-0002-2025-6973
Политов Дмитрий Владиславович, ORCID ID 0000-0003-1569-5565
Горошкевич Сергей Николаевич, ORCID ID 0000-0003-0805-8656

DOI: 10.48612/altuhov/2026_02-04

Клоновая структура и родственные связи в популяциях кедрового стланика, *Pinus pumila* (Pallas) Regel

Белоконь Ю.С.[1]*, Белоконь М.М.[1], Охлопкова Ж.М.[2], Мудрик Е.А.[1], Политов Д.В.[1]
[1]*Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова Российской академии наук, Москва, Россия*
[2]*Северо-Восточный федеральный университет им. М.К. Аммосова, Якутск, Россия*
**e-mail: yuri_b@vigg.ru*

Clonal structure and relationships in dwarf Siberian pine, *Pinus pumila* (Pallas) Regel, populations

Belokon Yu.S.[1]*, Belokon M.M.[1], Okhlopkova Zh.M.[2], Mudrik E.A.[1], Politov D.V.[1]
[1]*Vavilov Institute of General Genetics, Russian Academy of Sciences, Moscow, Russia*
[2]*North-Eastern Federal University, Yakutsk, Russia*
**e-mail: yuri_b@vigg.ru*

Резюме. На основании изменчивости изоферментных локусов проведен генетический анализ многоствольных форм и отдельно растущих одноствольных особей в естественно-возобновляющейся популяции кедрового стланика, *Pinus pumila*, из Якутии. Различия в значениях основных показателей генетической изменчивости для двух выборок растений статистически не значимы. Распределение значений коэффициента родства Ванга (WEst) в большинстве куртин выявило наличие большего числа родственных генотипов, чем в выборке одноствольных форм. Анализ родственных связей между особями в пределах пробной площадки показал высокую степень родства между частью особей, входящих в состав куртин и произрастающими отдельно одноствольными экземплярами. Распределение коэффициентов родства в 11 дальневосточных популяциях *P. pumila* в большинстве случаев носит нормальный характер. Рассмотрены факторы, влияющие на родственную структуру популяций и механизмы, способствующие поддержанию высокого уровня генетической изменчивости вида.
Ключевые слова: кедровый стланик, *Pinus pumila*, родство, многоствольные формы, аллозимные локусы

Abstract. Based on the variability of isozyme loci, a genetic analysis was conducted of multi-stemmed forms and individually growing single-stemmed individuals in a naturally regenerating population of dwarf Siberian pine, *Pinus pumila*, from Yakutia. The differences in the genetic variability values among samples are statistically insignificant. The distribution of values of the Wang relatedness estimator (WEst) in the majority of clumps revealed the presence of a greater number of related genotypes than in the sample of single-stemmed forms. An analysis of the relationships between individuals within the test plot revealed a high degree of

relatedness among some of the individuals that form clumps and the single-stemmed specimens growing separately. The distribution of relatedness coefficients in 11 Far Eastern populations of *P. pumila* is normal in most cases. The factors influencing the related structure of the populations and the mechanisms that contribute to maintaining a high level of genetic variability in the species have been discussed.
Keywords: dwarf Siberian pine, *Pinus pumila*, relationship, multi-stemmed forms, allozyme loci

Кедровый стланик, *Pinus pumila* (Pallas) Regel (Pinophyta: Pinales: Pinaceae), – широкоареальный вид, произрастающий на северо-востоке Азии преимущественно в горах, на побережьях Охотского моря и Тихого океана. Жизненная форма кедрового стланика отличается от большинства видов сосен, и представляет собой многоствольный кустарник без центрального ствола или «лежачее дерево» - стелющийся ствол с многочисленными ветвями. Стелящаяся форма и поверхностная корневая система позволяют растениям хорошо адаптироваться к условиям обитания в субальпийском поясе и на почвах с неглубоким слоем вечной мерзлоты. Зимой ветви стланика полегают под снег, что снижает риски гибели растений от низких температур и высокого снежного покрова. Полегающие ветви способны к укоренению. При наличии достаточного пространства и отсутствии внешних повреждающих факторов (пожаров, осыпей и др.) одна особь может разрастаться до нескольких десятков метров в диаметре, при этом более старая центральная часть куста со временем отмирает [1]. Ввиду этих особенностей в составе плотных зарослей сложно определить границы каждой отдельной особи. Основным распространителем семян кедрового стланика является кедровка, *Nucifraga caryocatactes* L.*,* (Corvidae, Aves) [1]. Птицы собирают семена в сезон созревания и запасают на зиму, создавая тайники размером от нескольких штук до нескольких десятков семян в различных местах на своем кормовом участке. У кедрового стланика отмечается массовое прорастание групп сеянцев на следующий год после обильного урожая, что является следствием активной деятельности кедровок по созданию значительно больших чем необходимо запасов семян [2]. Сочетание двух возможных способов размножения (семенного и вегетативного) должно приводить к формированию куртин, состоящих из родственных особей или представляющих собой клоны. Учитывая, что у *P. pumila* перекрестное опыление сочетается с самоопылением и доля самоопыления может быть довольно высокой [3, 4], можно предположить, что генетическое разнообразие в популяции должно снижаться и приводить к генетической фрагментации. Таким образом, изучение родственных связей в пределах популяции кедрового стланика представляет несомненный интерес.

Учитывая, что визуально определяемая индивидуальная куртина стланика семенного происхождения может быть образована несколькими переплетенными, а возможно, и сросшимися сеянцами из одного тайника кедровки, охарактеризовать распределение растений семенного и клонового происхождения в зарослях *P. pumila* можно только генетическими методами.

На основании изменчивости 25 изоферментных локусов проведен генетический анализ и установлены родственные связи в естественно-возобновляющейся популяции кедрового стланика из Якутии [5]. Различия в полученных значениях основных показателей генетической изменчивости для отдельно растущих одноствольных особей (n=17) и разросшихся куртин (n=12) с числом стволов от двух до пяти оказались статистически не значимыми. Все генотипы одноствольных особей, а также особей из восьми куртин оказались уникальными. В четырех куртинах были выявлены по два-три

совпадающих по всем 20 полиморфным локусам генотипа. В одной из куртин обнаружены две пары совпадающих генотипов. Распределение значений коэффициента родства Ванга (WEst) в большинстве куртин выявило наличие большего числа родственных генотипов, чем в выборке одноствольных форм. Анализ родственных связей между особями в пределах пробной площадки (100мХ100м) показал высокую степень родства между частью особей, входящих в состав куртин и произрастающими отдельно одноствольными экземплярами.

Распределение попарных коэффициентов родства WEst в одиннадцати изученных дальневосточных популяциях *P. pumila* в большинстве случаев соответствует нормальному. Незначительное число клонов было обнаружено в популяциях Камчатки и о. Парамушир [4]. Исследование генетических взаимоотношений в популяции кедрового стланика из Японии, произрастающей на горном склоне, выявило, что почти треть особей имеют клоновое происхождение [6]. Зачастую клоны образуются среди плотных зарослей, располагающихся на склонах, вследствие пригибания и «сползания» ветвей вниз с последующим укоренением и фрагментацией исходной особи. Вероятно, образование клонов вследствие укоренения частей растения связано с условиями произрастания, а именно особенностями рельефа и климата. Низкая плотность насаждения может способствовать повторному использованию территории кедровкой для обустройства новых тайников с запасами семян и их успешного прорастания. Таким образом, формируется мозаичная структура популяции, состоящей из родственных и неродственных особей, что потенциально увеличивает разнообразие генотипов, участвующих в размножении, и способствует поддержанию высокого уровня генетической изменчивости.

В популяциях кедрового стланика наблюдается высокая доля самоопыления (до 40% в плотных сомкнутых зарослях) и присутствует перекрестное опыление между родственными особями [3, 4]. Такая структура опыления приводит к формированию большого числа инбредных семян, что должно приводить к снижению генетического разнообразия. Однако кедровый стланик обладает самой высокой генетической изменчивостью среди сосен, семена которых распространяются птицами [7]. В зародышах семян *P. pumila* значения наблюдаемой гетерозиготности ниже ожидаемой (исходя из равновесия Харди–Вайнберга), тогда как во взрослой части популяции, как правило, наблюдается генотипическое равновесие или избыток гетерозиготных генотипов [3, 4, 7]. Возрастание индивидуальной гетерозиготности с увеличением возраста насаждения отмечается у многих видов хвойных и свидетельствует об отборе в пользу гетерозиготных генотипов [8]. Поддержание высокой генетической изменчивости в популяциях кедрового стланика свидетельствует о действии отбора и способствует успешному выживанию вида в экстремальных условиях среды.

Список литературы

1. Моложников В.Н. Кедровый стланик горных ландшафтов Северного Прибайкалья. Ленинград: Наука, 1975. 203 с.
2. Танцырев Н.В. Интенсивность возобновления кедрового стланика в связи с урожаями семян в Южной Якутии // Хвойные бореальной зоны. 2022. Т. XL (1). С. 54–59.
3. Белоконь М.М., Белоконь Ю.С., Политов Д.В. Система скрещивания и динамика аллозимной гетерозиготности в популяциях кедрового стланика, *Pinus pumila* (Pall.) Regel // Хвойные бореальной зоны. 2010. Т. XXVII (1-2). С. 13-17.
4. Белоконь Ю.С. Генетическая структура популяций кедрового стланика, *Pinus pumila* (Pallas) Regel, в восточной части ареала: Дис. … канд. биол. наук. Москва: Ин-т общей генетики им. Н.И. Вавилова РАН, 2025. 183 с.

5. Белоконь Ю.С., Белоконь М.М., Охлопкова Ж.М., Мудрик Е.А., Политов Д.В. Генетический анализ многоствольных форм и родственные связи в популяции кедрового стланика, *Pinus pumila* (Pallas) Regel. Успехи современной биологии / Advances in Current Biology. 2026. Т. 146. № 5. С. 510–520. https://doi.org/10.7868/S3034634726050057
6. Tani N., Tomaru N., Tsumura Y. et al. Genetic structure within a Japanese stone pine (*Pinus pumila* Regel) population on Mt. Aino-Dake in Central Honshu, Japan // J. Plant Res. 1998. V. 111. (1101). P. 7–15. DOI:10.1007/BF02507145
7. Политов Д.В. Генетика популяций и эволюционные взаимоотношения видов сосновых (сем. Pinaceae) Северной Евразии: Дис… докт. биол. наук. Москва: Ин-т общей генетики им. Н.И. Вавилова РАН, 2007. 432 с.
8. Динамика популяционных генофондов при антропогенных воздействиях. М.: Наука, 2004. 619 с.

Информация об авторах:
Белоконь Юрий Сергеевич, ORCID ID 0000-0003-4880-2160
Белоконь Марьяна Михайловна, ORCID ID 0000-0003-1642-5225
Охлопкова Жанна Михайловна, ORCID ID 0000-0002-7948-8728
Мудрик Елена Анатольевна, ORCID ID 0000-0002-1089-7486
Политов Дмитрий Владиславович, ORCID ID 000-0003-1569-5565

DOI: 10.48612/altuhov/2026_02-05

Выявление нуклеотидного полиморфизма локусов адаптивно-значимых генов в популяциях *Pinus sylvestris* L. в Предуралье

Боронникова С.В.*, Чертов Н.В., Сбоева Я.В.
Пермский государственный национальный исследовательский университет, Пермь, Россия
**e-mail: SVBoronnikova@yandex.ru*

Identification of nucleotide polymorphism of adaptive-significant gene loci in populations of *Pinus sylvestris* L. in the Cis-Urals

Boronnikova S.V.*, Chertov N.V., Sboeva Ya.V.
Perm State University, Perm, Russia
**e-mail: SVBoronnikova@yandex.ru*

Резюме. Для изучения нуклеотидного полиморфизма популяций *P. sylvestris* из 16 разработанных отобраны 3 пары праймеров (*Pinus-11*, *Pinus-12*, *Pinus-15*), с помощью которых определены нуклеотидные последовательности трех локусов адаптивно-значимых генов. В этих нуклеотидных последовательностях установлены 87 полиморфных позиций. Наиболее полиморфен локус *Pinus-12* (74 замены), а самым консервативным является локус *Pinus-15* (3 полиморфные позиции). В 11 изученных популяциях *P. sylvestris* к наиболее информативным для трех пар праймеров отнесены 7 SNP.
Ключевые слова: нуклеотидный полиморфизм, адаптивно-значимые гены, *Pinus sylvestris* L.

Abstract. To study the nucleotide polymorphism of *P. sylvestris* populations, 3 pairs of primers (*Pinus-11*, *Pinus-12*, *Pinus-15*) were selected from 16 that had been developed. These primers were used to determine the nucleotide sequences of three loci of adaptively significant genes. In these nucleotide sequences, 87 polymorphic positions were identified. The *Pinus-12* locus is the most polymorphic (74 substitutions), while the *Pinus-15* locus is the most conserved (3 polymorphic positions). Among the 11 studied *P. sylvestris* populations, 7 SNPs were classified as the most informative for the three primer pairs.

Keywords: nucleotide polymorphism, adaptive-significant gene, *Pinus sylvestris* L.

При интенсификации потепления и увеличения частоты засух по всему миру лесные экосистемы являются одними из наиболее чувствительных к засухе [1]. В связи с этим необходимо изучать механизмы засухоустойчивости и генетическую изменчивость популяций хвойных растений. Воздействие дефицита воды приводит к увеличению уровня экспрессии генов альдегиддегидрогеназы, генов белков позднего эмбриогенеза (LEA), транскрипционных факторов MYB. В хвое сеянцев сосны обыкновенной (*P. sylvestris*) выявлено 4,6-9,1 кратное увеличение уровня транскрипции генов дегидринов (DHN1, DHN7) и LEA. Для *P. sylvestris* характерны высокие межпопуляционные различия в чувствительности к засухе. В связи с этим целью исследования являлось выявление локусов потенциально адаптивно-значимых генов, ассоциированных с засухой; определение нуклеотидных последовательностей с использованием разработанных и отобранных праймеров, отбор полиморфных позиций для определения уровня нуклеотидного разнообразия 11 популяций *P. sylvestris* в Предуралье.

Индивидуально с каждого из 30-31 деревьев, расположенных на расстоянии не менее 100 метров друг от друга, у сосны обыкновенной собраны образцы растительного материала из 11 популяций. Выделение ДНК из растительного материала проводили по методике Уго Кота-Санчес [2] с использованием CTAB (CetylTrimethylAmmonium Bromide) и PVPP (PolyVinylPolyPyrrolidone).

Для изучения нуклеотидного полиморфизма *P. sylvestris* избраны три группы генов: дегидрины (DHN1.2, dhn2), гены сигнального пути абсцизовой кислоты (ZPF 2, Zinc Finger Protein KNUCKLES-like) и гены белков теплового шока (HSP20, SHSP domain-containing protein). Разработка праймеров проведена в программе Primer3Plus [3] со следующими параметрами: длина содержащего SNP амплифицируемого фрагмента – 400-600 нуклеотидов, оптимальная длина праймера – 20 нуклеотидов, оптимальная температура отжига – 60 ℃.

Для проверки уникальности амплифицируемых этими праймерами последовательностей выполнен поиск в транскриптоме *P. sylvestris.* Исключены последовательности, для которых найдено больше одного гомологичного фрагмента. Таким образом, для сосны обыкновенной разработаны 16 пар праймеров. Для проверки эффективности праймеров проведена ПЦР со всеми разработанными парами праймеров. Для сосны обыкновенной успешную амплификацию в ПЦР единственного фрагмента на электрофорезе показали три пары праймеров, названные *Pinus-11*, *Pinus-12*, *Pinus-15*.

Для реакции секвенирования применяли набор “BigDye® Terminator v3.1 Cycle Sequencing Kit” («Applied Biosystems», США), в качестве праймера использована прямая последовательность из пары праймеров, с которой была поставлена ПЦР. Очистку продуктов реакции секвенирования от невступивших в реакцию меченых нуклеотидов осуществляли с помощью набора “BigDye® XTerminator™ Purification Kit” («Applied Biosystems», США). В исследовании использовался метод автоматического ферментативного секвенирования, которое включало две стадии: 1) проведение терминирующих реакций (мечение нуклеотидов флюорофорами); 2) разделение продуктов этих реакций с помощью капиллярного электрофореза. Автоматизирована лишь вторая стадия, то есть разделение меченых фрагментов ДНК, получение спектра эмиссии флуорофоров и последующая обработка собранных данных. Капиллярный электрофорез синтезированных последовательностей проведен в ПЦР-лаборатории кафедры ботаники и

генетики растений ПГНИУ (Россия) на 24-капиллярном генетическом анализаторе Genetic Analyzer 3500xL («Applied Biosystems», США).

Данные обработаны в SeqAnalysis, SeqScanner, UGENE [4]. Отобраны характерные для исследуемых видов и условий SNP. Редактирование секвенированных последовательностей проводили в программе GeneScan version 2 («Applied Biosystems», США), местоположение полиморфных позиций определяли посредством множественного выравнивания последовательностей в компьютерной программе UGENE. Данные о секвенированных последовательностях локусов (в формате FASTA sequence) сравнивали с имеющимися последовательностями в генетической базе данных NCBI посредством системы автоматического on-line выравнивания BLAST 2.2.26+ на сайте NCBI http://www.ncbi.com. Секвенирование последовательностей локусов двух видов хвойных растений проведено в двух, а для отдельных локусов в трех повторностях. Информативность выявленных SNP двух видов хвойных растений оценивалась по средней доле редких аллелей (MAF, minor allele frequency, доля второго по частоте аллеля в данной позиции) для всех изучаемых популяций. К наиболее информативным отнесены SNP с наибольшей (для уверенного выявления межпопуляционных различий) и наименьшей (для оценки редких генотипов) долей редкого аллеля [5].

В результате секвенирования проб ДНК сосны обыкновенной из 11 популяций с тремя парами праймеров было прочитано около 95 тыс. пар нуклеотидов, для локусов *Pinus-11* и *Pinus-15* было прочитано около 26 тыс. пар нуклеотидов, для локуса *Pinus-12* 43 тыс. пар нуклеотидов. Получено по три консенсусных последовательности для каждой выбранной пары праймеров. В результате выравнивания полученных последовательностей с помощью инструмента BLAST в базах данных NCBI и UniProtKB были получены данные о продукте и роли секвенированных регионов ДНК. Продукт пары праймеров *Pinus-11* относится к белкам теплового шока (SHSP domain-containing protein) по базе NCBI (XP_057863454.1) и UniProtKB (A0A2G5CU27). Продукт пары праймеров *Pinus*-12 так же имеет сродство с белками теплового шока, а именно домен альфа-кристаллина (ACD) малых белков теплового шока альфа-кристаллинового типа (ABK22047.1). В свою очередь продукт праймера *Pinus*-15 по результатам анализа относится к цистеиновым протеазам (V4BAB7).

В результате секвенирования определены 260 нуклеотидных последовательностей трех локусов *P. sylvestris.* Секвенированные нуклеотидные последовательности были выровнены между собой. Всего было обнаружено 87 полиморфных позиций в последовательностях трех локусов. Самым консервативным по результатам множественного выравнивания является локус *Pinus-15*, в последовательности которого обнаружено 3 полиморфные позиции. Наибольшее число полиморфных сайтов выявлено в локусе *Pinus-12* – 74 замены.

В 11 изученных популяциях *P. sylvestris* к наиболее информативным (оценка по MAF (minor allele frequency)) по средней доле редких аллелей, для трех пар праймеров отнесены 7 SNP. Изученные 11 популяций *P. sylvestris* характеризуются высоким уровнем нуклеотидного разнообразия (Hd = 0,722; π = 0,004; θ = 0,013).

Таким образом, изучены показатели нуклеотидного полиморфизма трех локусов *P. sylvestris* Предуралья, потенциально адаптивных к засухе, в которых выявлено 87 полиморфных позиций.

Список литературы
1. Zhang P., Jiao L., Wei M., Wu X., Du D., Xue R. Drought timing and severity affect radial growth of *Picea crassifolia* at different elevations in the western Qilian Mountains // International Journal of Biometeorology. 2022. Vol. 66. No. 12. P. 2449–2462. https://doi:10.1007/s00484-022-02368-1
2. Cota-Sánchez, J.H.; Remarchuk, K.; Ubayasena, K. Ready-to-Use DNA Extracted with a CTAB Method Adapted for Herbarium Specimens and Mucilaginous Plant Tissue // Plant Mol Biol Rep. 2006. Vol. 24. P. 161–167. https://doi:10.1007/BF02914055
3. Untergasser A., Cutcutache I., Koressaar T., Ye J., Faircloth B.C., Remm M., Rozen S.G. Primer3 – new capabilities and interfaces // Nucleic acids research. 2012. Vol. 40. No. 15. P. 115. https://doi.org/10.1093/nar/gks596
4. Okonechnikov, K.; Golosova, O.; Fursov, M. Unipro UGENE: a unified bioinformatics toolkit // Bioinformatics. 2012. Vol. 28. P. 1166-1167. https://doi.org/10.1093/bioinformatics/bts091
5. Ergon A., Skøt L., Sæther V. E., Rognli O. A. Allele frequency changes provide evidence for selection and identification of candidate loci for survival in red clover (*Trifolium pratense* L.) // Frontiers in Plant Science. 2019. Vol. 10. P. 718. https://doi.org/10.3389/fpls.2019.00718

Информация об авторах:
Боронникова Светлана Витальевна, ORCID ID 0000-0002-5498-8160
Чертов Никита Валерьевич, ORCID ID 0000-0003-0250-220X
Сбоева Яна Викторовна, ORCID ID 0000-0003-1513-2682

DOI: 10.48612/altuhov/2026_02-06

Изменчивость по содержанию антоцианов у фиолетовозёрных гибридов ржи (*Secale cereale* L.) сорта Графиня и возможность её неразрушающей оценки

Буланов А.Н.[1]*, Зыкин П.А.[2], Андреева Е.А.[1,2], Евстигнеева А.В.[1], Рычалина А.В.[2], Цветкова Н.В.[1,2], Войлоков А.В.[1]

[1]Санкт-Петербургский филиал Института общей генетики им. Н.И. Вавилова РАН, Санкт-Петербург, Россия

[2]Санкт-Петербургский государственный университет, Санкт-Петербург, Россия

**e-mail: an.bulanov20002014@gmail.com*

Variability of anthocyanin content in purple-grained hybrids of the rye (*Secale cereale* L.) variety Grafinya and the possibility of its non-destructive assessment

Bulanov A.N.[1]*, Zykin P.A.[2], Andreeva E.A.[1,2], Evstigneeva A.V.[1], Rychalina A.V.[2], Tsvetkova N.V.[1,2], Voylokov A.V.[1]

[1]St. Petersburg Branch of the N.I. Vavilov Institute of General Genetics, Russian Academy of Sciences, St. Petersburg, Russia

[2]St. Petersburg State University, St. Petersburg, Russia

**e-mail: an.bulanov20002014@gmail.com*

Резюме. Изучена изменчивость по общему содержанию антоцианов (ОСА) в зерне гибридов $F_{1:2}$ отдельных растений сорта ржи Графиня с линией-донором фиолетовозёрности RMu12. Показано, что гибридные семьи характеризуются значительной изменчивостью по ОСА, при этом визуальный отбор наиболее интенсивно окрашенных зерновок обеспечивает увеличение среднего содержания антоцианов в 1,97 раза. Объективные показатели цвета зерновок в пространстве CIELab значимо коррелируют с ОСА, однако точность анализа недостаточна для надёжного количественного прогнозирования содержания антоцианов.

Ключевые слова: рожь, сортовые популяции, антоцианы, имидж-анализ, CIELab

Abstract. Variability in total anthocyanin content (TAC) was studied in the grains of $F_{1:2}$ hybrid families derived from individual plants of the rye variety Grafinya crossed with the purple-grain donor line RMu12. The hybrid families showed substantial variation in TAC, and visual selection of the most intensely colored grains increased mean TAC by 1.97-fold. Grain color parameters measured in the CIELab color space were significantly correlated with TAC; however, their predictive accuracy was insufficient for reliable quantitative estimation of anthocyanin content.
Keywords: rye, open-pollinated variety, anthocyanins, image analysis, CIELab

Рожь (*Secale cereale* L.) является важной зерновой культурой и имеет большую ценность как компонент функционального питания, вследствие содержания в её зерне широкого спектра биологически активных соединений, в том числе антоцианов [1]. Антоцианы обладают антиоксидантными свойствами и положительно влияют на предупреждение и течение ряда серьёзных заболеваний. В настоящее время у ржи отсутствуют селекционные образцы с фиолетовой окраской зерна, связанной с накоплением антоцианов в перикарпе. При этом именно такие формы характеризуются максимальным содержанием этих соединений и, соответственно, наибольшим благотворным влиянием на здоровье человека [1-3].

Большинство российских сортов ржи представлено открыто-опыляемыми популяциями, сохраняющими высокий уровень генетической изменчивости по качественным и количественным признакам в процессе семеноводства [4]. Поэтому для эффективной селекции обогащённых антоцианами сортов ржи необходима объективная оценка изменчивости по общему содержанию антоцианов (ОСА) получаемых фиолетовозёрных гибридов. В связи с высокой трудоёмкостью прямого определения ОСА перспективным является использование неразрушающих методов анализа, таких как имидж-анализ, позволяющий количественно описывать цвет зерновок в пространстве CIELab [5]. Ранее у риса [6], пшеницы [7] и ржи [3] был обнаружен высокий уровень корреляции между значениями ОСА и цветовых координат L* и b*, что делает потенциально возможным быстрый способ косвенной оценки ОСА.

Целью данной работы являлось изучение изменчивости зерновых потомств $F_{1:2}$ гибридов, полученных от скрещивания пятидесяти растений сортовой популяции ржи Графиня (ФГБНУ «ФАНЦ Северо-Востока им. Н.В. Рудницкого») и линии-донора фиолетовозёрности RMu12, по ОСА и установление возможности неразрушающей экспресс-оценки ОСА для ускоренной селекции.

В каждой гибридной семье были отобраны растения с наибольшей и наименьшей визуальной интенсивностью окраски зерновок. ОСА в цельнозерновой муке определяли с использованием pH-дифференциального метода [8]. Морфометрические и колориметрические показатели зерна получали имидж-анализом с использованием программы GrainScan [5].

При анализе зерновых потомств $F_{1:2}$ выявлено существенное варьирование окраски как в пределах каждой из семей, так и между ними. Значения ОСА варьировали в широком диапазоне (коэффициент вариации 38,5% и 34,4% для групп со слабой и сильной визуальной интенсивностью окраски, соответственно), что свидетельствует о значительной неоднородности исследуемого материала (Рисунок).

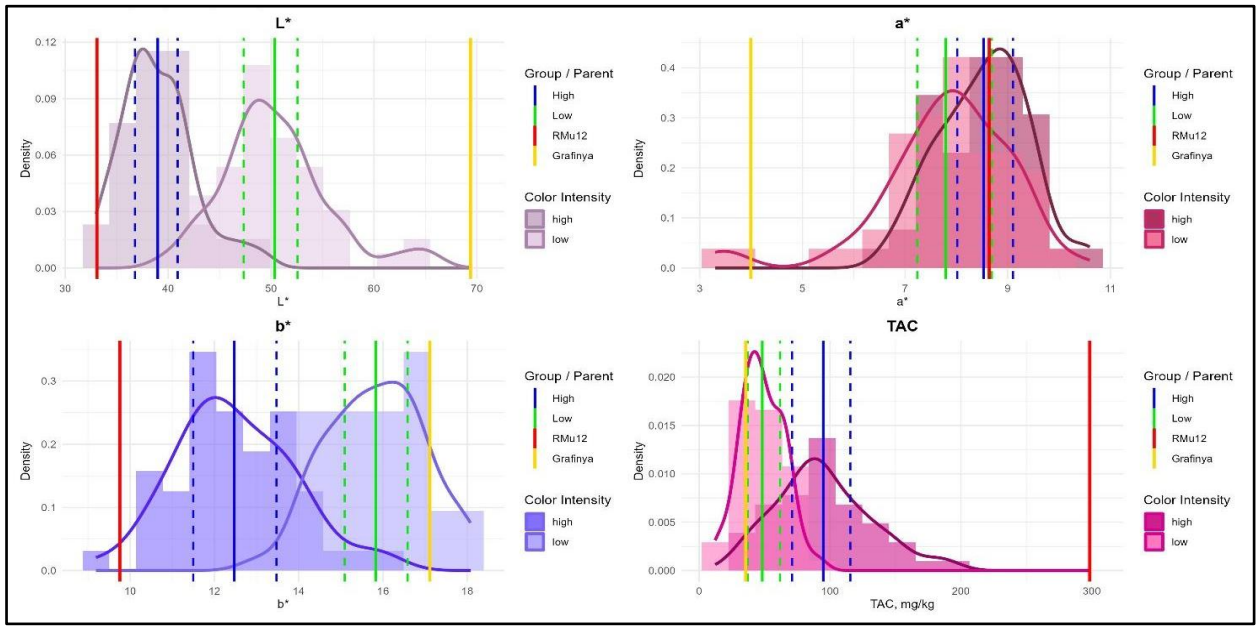


Рисунок – Гистограммы распределения частот значений цветовых координат Lab* и ОСА (TAC, total anthocyanin content) в зерновках растений 50 семей $F_{1:2}$ Графиня × RMu12 с разбивкой на группы с высокой и низкой визуальной интенсивностью окраски. Сплошные вертикальные линии показывают средние значения, пунктирные – первый и третий квартиль.

Среднее ОСА в группе с высокой интенсивностью окраски (94,83 ± 36,46 мг/кг; максимальное значение – 181,54 мг/кг) статистически значимо (*t*-тест, $p < 0{,}0001$) превышало среднее ОСА в группе со слабой интенсивностью (48,23 ± 16,59 мг/кг; максимальное значение – 91,33 мг/кг). Средние значения двух групп гибридов статистически значимо ($p < 0{,}001$) отличались по показателям Lab* и ОСА как от растений родительского сорта Графиня (ОСА = 35,64 мг/кг), так и от линии-донора фиолетовозёрности RMu12 (ОСА = 298,49 мг/кг) (Рисунок). Таким образом, отбор гибридных потомств $F_{1:2}$ с высокой визуальной интенсивностью окраски статистически значимо обеспечивал увеличение среднего содержания антоцианов в 1,97 раза по сравнению с группой со слабой интенсивностью и позволял достичь увеличения ОСА в 2,66 раза относительно исходного сорта Графиня с неокрашенным перикарпом.

При статистическом анализе объединённой выборки, включающей показатели обеих групп гибридов $F_{1:2}$, были выявлены статистически значимые отрицательные корреляции между показателями ОСА и значениями L* ($r = -0{,}63$) и b* ($r = -0{,}70$), что согласуется с предыдущими данными [3, 6, 7]. При раздельном анализе в группе с высокой интенсивностью сохранялись умеренные уровни корреляции ($r = -0{,}47$ и $r = -0{,}54$ соответственно), тогда как в группе со слабой окраской статистически значимые связи практически отсутствовали. Для оценки возможности косвенного определения ОСА были построены регрессионные модели, наилучшей из которых оказалась простая линейная модель $ОСА_{мг/кг} = 243{,}06 - 12{,}12 \times b^*$ ($R^2 = 0{,}49$; MAPE = 38,44%). Однако точность полученных моделей оказалась недостаточной для надёжной количественной оценки ОСА по колориметрическим показателям.

Таким образом, нами показано, что гибриды отдельных растений сорта ржи Графиня с донором фиолетовозёрности существенно различаются по содержанию антоцианов в зерновке. Высокий уровень внутрисортовой изменчивости приводит к формированию гибридных потомств, существенно различающихся по содержанию антоцианов, что открывает перспективы селекции на высокое ОСА. При этом визуальное разделение гибридов на группы по интенсивности окраски обеспечивает эффективный отбор

материала с наибольшим ОСА. Значения цветовых координат CIELab статистически связаны с ОСА, однако не позволяют проводить его точное количественное прогнозирование. В связи с этим для селекции на повышенное ОСА целесообразным подходом является визуальный отбор растений с наиболее интенсивно окрашенным зерном, с последующим подтверждением прямыми методами.

Список литературы

1. Войлоков А.В. Перспективы селекции ржи как источника фитосоединений с оздоровительным эффектом. СПб.: Скифия-принт, 2026, 48 с. DOI: 10.53454/9785986208527
2. Zykin P.A., Andreeva E.A., Lykholay A.N., Tsvetkova N.V., Voylokov A.V. Anthocyanin composition and content in rye plants with different grain color // Molecules. 2018. Vol. 23. № 4. P. 1-12. DOI: 10.3390/molecules23040948
3. Zykin P.A., Andreeva E.A., Tsvetkova N.V., Bulanov A.N., Voylokov A.V. Anatomical and digital image analysis of flavonoid-mediated grain coloration in rye (*Secale cereale* L.) // Plants. 2025. Vol. 14. № 16. P. 2557. DOI: 10.3390/plants14162557
4. Смирнов В.Г., Соснихина С.П. Генетика ржи // Л.: Издательство Ленинградского университета, 1984, 264 с.
5. Whan A.P., Smith A.B., Cavanagh C.R., Ral J.P.F., Shaw L.M., Howitt C.A., Bischof L. GrainScan: A low cost, fast method for grain size and colour measurements // Plant Methods. 2014. Vol. 10. P. 23. DOI: 10.1186/1746-4811-10-23
6. Shao Y., Hu Z., Yu Y., Mou R., Zhu Z., Beta T. Phenolic acids, anthocyanins, proanthocyanidins, antioxidant activity, minerals and their correlations in non-pigmented, red, and black rice // Food Chemistry. 2018. Vol. 239. P. 733–741. DOI: 10.1016/j.foodchem.2017.07.009
7. Garg, M. Transfer of grain colors to elite wheat cultivars and their characterization // Journal of Cereal Science. 2016. Vol. 71. P. 138–144. DOI: 10.1016/j.jcs.2016.08.004
8. Giusti M.M., Wrolstad R.E. Characterization and measurement of anthocyanins by UV-visible spectroscopy // Current Protocols in Food Analytical Chemistry. 2001. Vol. 00. № 1. P. F1.2.1-F1.2.13. DOI: 10.1002/0471142913.faf0102s00

Информация об авторах:
Буланов Андрей Николаевич, ORCID ID 0009-0003-8092-9978
Зыкин Павел Александрович, ORCID ID 0000-0003-1624-6163
Андреева Елена Александровна, ORCID ID 0000-0002-9326-3170
Евстигнеева Александра Вячеславовна, ORCID ID 0009-0006-9609-4698
Рычалина Алёна Витальевна
Цветкова Наталья Владимировна, ORCID ID 0000-0002-7353-1107
Войлоков Анатолий Васильевич, ORCID ID 0000-0003-3423-8511

DOI: 10.48612/altuhov/2026_02-07

Выявление деревьев с признаком «узорчатая древесина» в сибсовом потомстве карельской березы с помощью молекулярного маркера BpCW1

Ветчинникова Л.В.[1,3]*, Титов А.Ф.[2], Жигунов А.В.[3]

[1]Институт леса Карельского научного центра Российской академии наук, Петрозаводск, Россия,

[2]Институт биологии Карельского научного центра Российской академии наук, Петрозаводск, Россия

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

**e-mail: vetchin@krc.karelia.ru*

Identification of trees with the «patterned wood» trait in curly birch sib progeny using the BpCW1 molecular marker

Vetchinnikova L.V.[1,3]*, Titov A.F.[2], Zhigunov A.V.[3]

[1]Forest Research Institute of the Karelian Research Centre of the Russian Academy of Sciences, Petrozavodsk, Russia,

[2]Institute of Biology of the Karelian Research Centre of the Russian Academy of Sciences, Petrozavodsk, Russia

[3]Saint Petersburg State Forest Technical University, Saint Petersburg, Russia

**e-mail: vetchin@krc.karelia.ru*

Резюме. Приводятся результаты использования молекулярного маркера BpCW1 для выявления деревьев (генотипов) с узорчатой древесиной в сибсовом потомстве карельской березы (*Betula pendula* Roth var. *carelica* (Mercklin) Hämet-Ahti), полученном путем контролируемого опыления двух родительских пар, изначально отобранных на основе внешних (морфологических) признаков. С помощью ПЦР-анализа у деревьев анализировали продукты амплификации (476 п.н. или 530/476 п.н.), соответствующие делеции (утрате) участка ДНК размером 54 п.н., локализованной на 10-й хромосоме в геноме карельской березы, ассоциированной с признаком «узорчатая древесина». Обнаружена определенная взаимосвязь между состоянием гена с делецией и формой роста: большинство древовидных растений являются по данному гену гетерозиготами, а кустообразные и особенно кустарниковые – преимущественно гомозиготами. Показана высокая эффективность использования маркера BpCW1 по сравнению с существующей до сих пор визуальной диагностикой наличия/отсутствия узорчатой древесины у карельской березы по косвенным морфологическим признакам, в частности, по характеру утолщений на поверхности ствола.

Ключевые слова: карельская береза, *Betula pendula* Roth *var. carelica* (Mercklin) Hämet-Ahti, сибсовое потомство, узорчатая древесина, молекулярный маркер BpCW1

Abstract. The results of applying the BpCW1 molecular marker to identify trees (genotypes) with patterned wood in the sib progeny of curly birch (*Betula pendula* Roth var. *carelica* (Mercklin) Hämet-Ahti) obtained by controlled pollination of two parental pairs initially selected based on external (morphological) traits are presented. PCR analysis was used to analyze trees for amplification products (476 bp or 530/476 bp) corresponding to a deletion (loss) of a 54 bp DNA region localized on chromosome 10 in the curly birch genome, associated with the «patterned wood» trait. A specific relationship was found between the state of the gene with the deletion and growth form: most tree-like plants are heterozygotes for this gene, while bush-like and especially shrub-like plants are predominantly homozygotes. The BpCW1 marker was shown to be highly effective compared to the existing visual diagnostics of the presence/absence

of patterned wood in curly birch based on indirect morphological characteristics, in particular, the nature of thickenings on the trunk surface.
Keywords: curly birch, *Betula pendula* Roth var. *carelica* (Mercklin) Hämet-Ahti, sib progeny, patterned wood, BpCW1 molecular marker

Мировую известность карельская береза (*Betula pendula* Roth var. *carelica* (Mercklin) Hämet-Ahti) приобрела благодаря своей уникальной высокодекоративной узорчатой древесине, хотя до сих пор отсутствуют надежные способы ее прижизненного выявления. Обычно для этого используют косвенные признаки, к которым, в частности, относятся утолщения или выпуклости, визуально различимые на поверхности ствола. Однако косвенные признаки внешне проявляются в среднем только на 8–10-й год роста растений [1].

Нами с помощью молекулярного маркера BpCW1 [2] удалось выявить генотипы карельской березы с узорчатой древесиной (или ее отсутствием) в 35-летнем и 15-летнем сибсовых потомствах, полученных в результате контролируемого опыления (прямого и обратного) двух родительских пар, отобранных на основе внешних (морфологических) признаков [3]. С помощью ПЦР-анализа у 72% деревьев обнаружены продукты амплификации (476 п.н. или 530/476 п.н.), соответствующие делеции (утрате) участка ДНК размером 54 п.н., локализованной на 10-й хромосоме в геноме карельской березы, ассоциированной с признаком «узорчатая древесина» [4], что по сравнению с их морфологической оценкой оказалось выше на 6%. «Безузорчатые» деревья характеризуются отсутствием делеции и в изученных семенных потомствах они составляют 15% и 36,4% в 35-летнем и 15-летнем потомствах, соответственно. Распределение генов в сибсовом потомстве показало, что родительские пары были гетерозиготными. Установлено также, что частота встречаемости генотипов с наличием гена с делецией, находящегося в гетерозиготном состоянии, значительно выше по сравнению с гомозиготным (Таблица), что существенно отличается от известного расщепления по Менделю. В тоже время их соотношение в определенной степени зависело от индивидуальных (генетических) особенностей родительских деревьев, а также (но в меньшей степени) от того, кто из них при скрещивании выступал в качестве материнского или отцовского, хотя оба родители были «плюсовыми» деревьями и имели явно выраженные признаки, характерные для карельской березы.

Таблица. Частота встречаемости генотипов с наличием/отсутствием генов с делецией в сибсовом потомстве карельской березы в зависимости от варианта скрещивания, выявленных с помощью молекулярного маркера BpCW1

Вариант скрещивания	Генотип		
	N/D	D/D	N/N
	35-летнее сибсовое потомство		
♀133 х ♂134	0,61	0,24	0,15
♀134 х ♂133	0,75	0,10	0,15
	15-летнее сибсовое потомство		
♀51 х ♂58а	0,48	0,15	0,38
♀58а х ♂51	0,40	0,40	0,20

Примечание. Данные представлены в относительных единицах, где N – аллель без делеции (не мутировавший), D – аллель с делецией

Определенная взаимосвязь обнаружена между состоянием гена с делецией и формой роста карельской березы: большинство древовидных растений являются по данному гену гетерозиготами, а кустообразные и особенно кустарниковые – преимущественно

гомозиготами. Результаты оценки сибсового потомства карельской березы с помощью молекулярного маркера BpCW1, ассоциированного с признаком «узорчатая древесина», показали эффективность его использования с точностью 97%, что существенно выше и надежнее по сравнению с существующей до сих пор визуальной диагностикой наличия/отсутствия узорчатой древесины – экономически крайне важного признака, характерного, главным образом, для карельской березы, что до сих пор было невозможно сделать другими методами, основанными на оценке ее внешних (морфологических) признаков. И хотя данный молекулярный маркер ничего не добавляет в плане раскрытия генетических основ наследования признака «узорчатая древесина», тем не менее, с его помощью могут быстрее и/или надежнее решаться многие задачи, связанные с культивированием и практическим использованием этого уникального объекта лесной дендрофлоры.

Финансовое обеспечение исследований осуществлялось из средств Российского научного фонда (проект № 22-16-00096-П «Выявление генетических факторов, контролирующих признак «узорчатость древесины» у карельской березы, с использованием высокопроизводительного генотипирования») и федерального бюджета на выполнение государственного задания ФИЦ «Карельский научный центр Российской академии наук» (Институт леса КарНЦ РАН – № 126020916838-4).

Список литературы

1. Ветчинникова Л.В., Титов А.Ф. Карельская береза: важнейшие результаты и перспективы исследований. Петрозаводск: КарНЦ РАН, 2021. 243 с
2. Жигунов А.В., Ветчинникова Л.В., Губаев Р.Ф. и др. BpCW1 – молекулярный маркер для выявления генотипов карельской березы на ранних стадиях развития. Патент на изобретение РФ № 2823809. 2024
3. Ветчинникова Л.В., Титов А.Ф., Костина Е.Э., Жигунов А.В. Сибсовое потомство карельской березы на Заонежской лесосеменной плантации // Изв. вузов. Лесн. журн. 2023. № 5. С. 9–26. Doi: 10.37482/0536-1036-2023-5-9-26
4. Gubaev R., Karzhaev D., Grigoreva E. et al. Dissection of figured wood trait in curly birch (*Betula pendula* Roth var. *carelica* (Mercklin) Hämet-Ahti) using high-throughput genotyping // Scientific Reports. 2024. V. 14. P. 50–58. Doi: 10.1038/s41598-024-55404-y

Информация об авторах:
Ветчинникова Лидия Васильевна, ORCID ID 0000-0003-2091-905X
Титов Александр Федорович, ORCID ID 0000-0001-6880-2411
Жигунов Анатолий Васильевич, ORCID ID 0000-0001-8707-7526

DOI: 10.48612/altuhov/2026_02-08

***Avena clauda*: парадокс геномной композиции**

Гнутиков А.А.[1,2]*, Носов Н.Н.[2], Амосова А.В.[3], Муравенко О.В.[3], Лоскутов И.Г.[1], Родионов А.В.[2]

[1]Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова, Санкт-Петербург, Россия

[2]Ботанический институт им. В.Л. Комарова Российской академии наук, Санкт-Петербург, Россия

[3]Институт молекулярной биологии им. В.А. Энгельгардта Российской академии наук, Москва, Россия

**e-mail: alexandr2911@yandex.ru*

Avena clauda: the paradox of genomic composition

Gnutikov A.A.[1,2]*, Nosov N.N.[2], Amosova A.V.[3], Muravenko O.V.[3], Loskutov I.G.[1], Rodionov .V.[2]

[1]*Federal Research Center N. I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources (VIR), St. Petersburg, Russia. E-mail: alexandr2911@yandex.ru*

[2]*Komarov Botanical Institute Russian Academy of Sciences, St. Petersburg, Russia*

[3]*Engelhardt Institute of Molecular Biology, Russian Academy of Sciences, Moscow, Russia*

**e-mail: alexandr2911@yandex.ru*

Резюме. Исследован внутригеномный полиморфизм генов 35S рРНК у 7 образцов из разных географических районов, по морфологии определенных как диплоидный вид *Avena clauda* (2n=14, геномная формула CpCp). Проведено локус-специфичное NGS на платформе Illumina последовательности ITS1 и начала гена 5.8S рРНК. По полученным данным из 7 образцов "*A. clauda"* лишь два можно отнести к виду *A. clauda* с кариотипом CpCp, три образца несут два генома – C и A, в разной степени представленных, и наконец, у двух образцов последовательностей C-генома не обнаружено. FISH-гибридизация с зондом oligo-6C51, специфичным для C-субгеномов показала, что образцы без последовательностей C-генома – это не диплоиды, а тетраплоиды с кариотипом AACC, но на хромосомах C-субгенома у них нет сигналов 35S рДНК и 5S рДНК – эти гены утрачены.

Ключевые слова: Aveneae, ITS, NGS, Poaceae, риботипы, FISH-гибридизация

Abstract. Intragenomic polymorphism of the 35S rRNA genes was studied in seven accessions from different geographic regions, identified as the diploid species *Avena clauda* based on morphology (2n=14, genomic formula CpCp). Locus-specific NGS was performed on the Illumina platform for the ITS1 sequence and the beginning of the 5.8S rRNA gene. Based on the obtained data, only two of the seven "A. clauda" accessions can be classified as *A. clauda* with the CpCp karyotype. Three accessions carry two genomes – C and A – with varying degrees of representation. Finally, no C genome sequences were detected in two accessions. FISH hybridization with the oligo-6C51 probe specific for C-subgenomes showed that samples without C-genome sequences are not diploids, but tetraploids with the AACC karyotype; they do not have 35S rDNA and 5S rDNA signals on the C-subgenome chromosomes – these genes have been lost.

Keywords: Aveneae, FISH-hybridization, ITS, NGS, Poaceae, ribotypes

Цитогенетические исследования видов рода *Avena* L. (Poaceae) выявили, что диплоидные виды овса обладают геномами двух типов – A или C; было предложено различать два варианта C-геномов, Cv и Cp, и пять вариантов A-геномов (Ac, Ad, Al, Ap и As) [1]. На сегодняшний день известно четыре диплоидных вида с C-геномом, один из которых объект нашего исследования – *Avena clauda* Durieu – средиземноморский, скально-осыпной вид, отмеченный также для Крыма и Кавказа, несущий, как считалось, только Cp-геном [2]. Материал для исследования был взят в коллекции ВИР: семь образцов *A. clauda* из разных регионов, относящихся к Древнему Средиземноморью – современных Турции, Азербайджана, Ирака. Полученные образцы были изучены при помощи секвенирования следующего поколения (NGS). Для этого был исследован внутригеномный полиморфизм внутренних транскрибируемых спейсеров ITS1 локусов 35S рРНК с помощью локус-специфичного секвенирования этого района на платформе Illumina. Секвенирование следующего поколения (NGS) на платформе Illumina проводили в Центре коллективного пользования «Геномные технологии, протеомика и клеточная биология» Всероссийского исследовательского института сельскохозяйственной

микробиологии (ВНИИСХМ). Полученный пул необработанных последовательностей был обрезан с помощью программы Trimmomatic, входящей в пакет программ Unipro Ugene, следующим образом: парные чтения; обрезка с порогом качества 12; минимальная длина чтения 130. Затем парные последовательности были объединены, дереплицированы и отсортированы с помощью vsearch 2.7.1. Полученные последовательности рассматриваются нами как риботипы, каждый из которых представлен с той или иной частотой во всем пуле геномной рДНК, и относительная частота каждого из риботипов может быть оценена по чисту ридов (прочтений) в ходе секвенирования. Чтобы ограничить вклад ошибок секвенирования, в анализ были взяты только последовательности, прочтенные не менее 10 раз. Последовательности были выровнены с помощью MEGA v. 11.0.13. Затем был изучен состав риботипов каждого образца, использованного для NGS. Для этого были построены деревья риботипов внутри каждого образца, используя матрицу p-расстояний в программе MEGA v. 11.0.13. Затем суммировали процентное содержание риботипов с общим числом прочтений в каждом образце для самых больших кластеров (групп последовательностей) полученного дерева. Риботипный состав образцов был визуализирован в Microsoft Excel v. 16 в виде круговых диаграмм. Полученные диаграммы отражают отношение проанализированных риботипов (пороговое значение: 10 прочтений на образец рДНК) к общему числу прочтений в каждом образце, поэтому суммарное количество процентов в круговой диаграмме может быть меньше 100. По полученным данным (Рисунок) из 7 образцов *A. clauda* лишь два можно отнести к видам с Cp-геномом, это k-254 (Азербайджан) и k-2095 (Ирак). Три образца: k-200, k-269 (Азербайджан) и k-1908 (Турция) несут два генома – C и A, в разной степени представленных. И наконец, у двух образцов из Турции, отличающихся друг от друга более темной окраской колосковых чешуй, последовательностей C-генома не обнаружено, они оказались «чистыми» видами с геномом A.

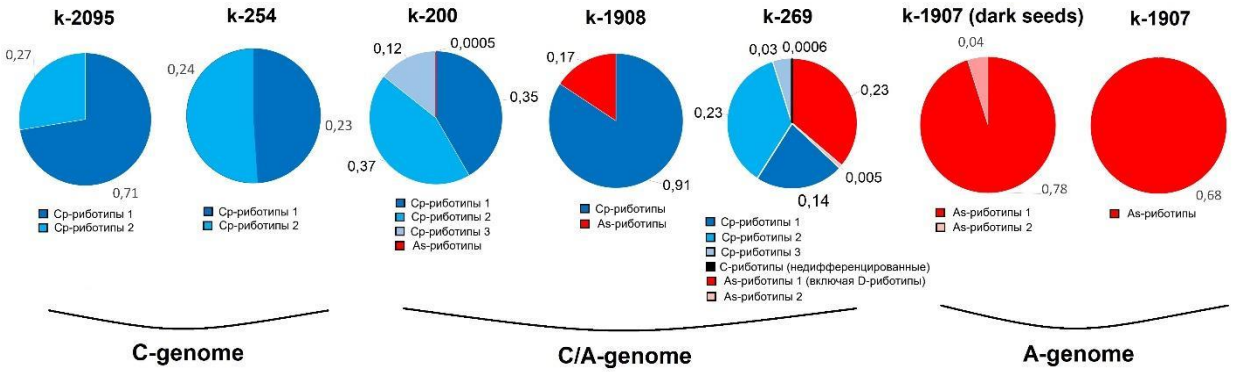


Рисунок – Состава риботипов образцов *A. clauda*, отражающая внутригеномный полиморфизм последовательностей ITS1, полученных методом NGS.

Мы видим, что три образца, несущие C/A-геном – это гибриды *A. clauda* на неизвестный A-геномный вид, при этом у этих гибридов есть разница в составе мажорных риботипов. Наиболее разнообразен образец k-269 из Азербайджана. Главный риботип этого образца вместе с одним из мажорных (более 1000 прочтений) риботипов закономерно принадлежит к Cp-геному, но некоторые из других мажорных риботипов являются A-геномными и близки к As-геному. Образец k-1908 (Турция) несет мажорные риботипы только Cp-геномного типа, как и образец k-200 из Азербайджана. Исследование кариотипов образцов методом FISH-гибридизации показало, что образцы k-1907 и k-267 из Азербайджана – тетраплоиды. Причем оба субгенома образца k-267 несут сигналы 35S рДНК, и, что странно, сигналы oligo-6C51 – маркера, специфичного для C-субгеномов [3].

Образец k-1907 из Турции, несмотря на то, что у него только риботипы А-субгеномов, также оказался тетраплоидом, причем тетраплоидом с А и С-субгеномами, но на хромосомах С-субгенома нет генов 35S и 5S рРНК – они утрачены. Необычный геномный состав образцов, по морфологии типичных *A. clauda,* показывает, что среди цветковых растений и, в частности, злаков, есть криптические виды – морфологически не различимые, но имеющие геномы разного происхождения в своем геномном наборе [4]. Явление это нетривиальное, ставшее известным относительно недавно, требующее дальнейшего изучения. Что касается описанного в данной статье случая, то любопытно, что видовой эпитет таксона *Avena clauda*, в переводе означает «сомнительный», и это, на наш взгляд, вполне оправданно.

Работа выполнена при поддержке гранта РНФ № 25-24-00349 (https://rscf.ru/project/25-24-00349/).

Список литературы

1. Rajhathy T. The chromosomes of Avena // Chromosome engineering in plants: genetics, breeding, evolution (Part A). Amsterdam: Publishing House «Elsevier», 1991, Vol 2. P. 449–467.
2. Loskutov I. G., Rines H. W. *Avena* L. // Wild crop relatives: genomic and breeding resources. Heidelberg: Publishing House «Springer», 2011, Vol. 1. P. 109–183.
3. Jiang W., Jiang Ch., Yuan W. et al. A universal karyotypic system for hexaploid and diploid *Avena* species brings oat cytogenetics into the genomics era // BMC Plant Biology. 2021. Vol. 21. No 1. P. 213. DOI: 10.1186/s12870-021-02999-3
4. Шнеер В. С., Пунина Е. О., Домашкина В. В., Родионов А. В. Криптогибриды у растений– подводная часть айсберга // Бот. журн. 2023. Т.108. № 12. С. 1037–1053. DOI: 10.31857/S0006813623120098

Информация об авторах:
Гнутиков Александр Александрович, ORCID ID 0000-0002-5264-5594
Носов Николай Николаевич, ORCID ID 0000-0002-7096-9242
Лоскутов Игорь Градиславович, ORCID ID 0000-0002-9250-7225
Родионов Александр Викентьевич, ORCID ID 0000-0003-1146-1622

DOI: 10.48612/altuhov/2026_02-09

Анализ эффективности SSR-маркеров для генотипирования некоторых видов флоры Чеченской Республики

Джамбетова П.М.*, Бисултанова З.И.
Чеченский государственный университет им. А.А. Кадырова, Грозный, Россия
**e-mail: petimat-lg@rambler.ru*

Analysis of the effectiveness of SSR markers for genotyping certain plant species

Dzhambetova P.M.*. Bisultanova Z.I.
A.A. Kadyrov Chechen State University, Grozny, Russia
**e-mail: petimat-lg@rambler.ru*

Резюме. Протестированы наборы праймеров для *Taraxacum hybernum* Steven для генотипирования нескольких видов лекарственных растений - *Mentha* x *piperita* L., *Mentha longifolia* (L.) Huds., *Plantago major* L., *Salvia glutinosa* L., *Taraxacum officinale* Wigg. и *Allium ursinum* L. горных популяций Чеченской Республики. Изучены микросателлитные маркеры со стандартным размером 2–6 олигонуклеотидов. Анализ полиморфизма на основе данных, полученных с праймером 003, показал отсутствие внутривидовой вариабельности у *Allium ursinum* и *T. officinale* при высоком уровне межвидового полиморфизма. Информативность маркера (PIC) оценена как высокая (~0,75–0,80). Расчёт

генетических дистанций Нея выявил наибольшую обособленность *Plantago major* от остальных видов (D = 0,75), тогда как *Allium ursinum* и *Mentha* x *piperita* демонстрируют относительную генетическую близость (D = 0,50).
Ключевые слова: Лекарственные растения, микросателлитные маркеры, генетическое разнообразие, горные популяции

Abstract. Primer sets designed for *Taraxacum hybernum* Steven were tested for genotyping several medicinal plant species - *Mentha* x *piperita* L., *Mentha longifolia* (L.) Huds., *Plantago major* L., *Salvia glutinosa* L., Taraxacum officinale Wigg. and *Allium ursinum* L. from mountain populations in the Chechen Republic. Microsatellite markers with a standard repeat unit size of 2–6 nucleotides were analyzed. Polymorphism analysis based on data obtained with primer 003 revealed an absence of intraspecific variability in *Allium ursinum* and *T. officinale*, alongside a high level of interspecific polymorphism. The marker informativeness (PIC) was assessed as high (~0.75–0.80). Calculations of Nei's genetic distances showed that *Plantago major* was the most distinct from the other species (D = 0.75), whereas *Allium ursinum* and *Mentha* x *piperita* exhibited relative genetic proximity (D = 0.50).
Keywords: medicinal plants, microsatellite markers, genetic diversity, mountain populations.

Одним из основных шагов по сохранению биоразнообразия растительных биоценозов, является изучение их генетической структуры и, на их основе, правильная идентификация видового состава. На сегодняшний день для целей генетического биомониторинга широко используются генетические маркеры SSR, которые являются основой для создания базы данных фингерпринтинга SSR для скрининга растений на видовую или сортовую принадлежность. Маркеры SSR характеризуются высоким полиморфизмом, информативностью, повторяемостью, нейтральностью и могут быть использованы для однозначной идентификации видов. Маркеры SSR генерируют высокий процент полиморфизма в генотипах, характеризуются широкой информативностью, повторяемостью и могут быть использованы для однозначной идентификации видов [1-3]. Хорошо изученные наборы праймеров для *Taraxacum hybernum* Steven [2] могут быть использованы для широкого круга видов природной флоры. Нами были протестированы наборы праймеров для *T. hybernum* Steven для генотипирования нескольких видов лекарственных растений - *Mentha* x *piperita* L., *Mentha longifolia* L., *Plantago major* L., *Salvia glutinosa* L., *Taraxacum officinale* Wigg. и *Allium ursinum* L., произрастающих в горной части территории Чеченской Республики (ЧР).

Рассматривались микросателлитные маркеры со стандартным размером 2–6 олигонуклеотидов, исключающие одиночные нуклеотиды. Геномную ДНК экстрагировали из свежих листьев с использованием набора "D-plants-50" ("Biolabmix", Новосибирск) в соответствии с рекомендациями производителя. Всего было выбрано 12 пар праймеров, из них 2 были отобраны для дальнейшего анализа на основании стабильной и воспроизводимой амплификации. ПЦР-амплификация проводилась в реакционной смеси «Биомастер HS-Tag ПЦР-Color» ("Biolabmix", Новосибирск). Анализ результатов амплификации проводили с помощью горизонтального электрофореза в 1,8%-м агарозном геле, визуализировали ампликоны в проходящем через трансиллюминатор ("Vilber Lourmat", Франция) УФ-свете. Уровень полиморфизма определяли с помощью программы Popgene 1.32.

При использовании SSR-маркера 091 выявлены значимые различия в спектрах амплификации ДНК растения, идентифицированного как мята перечная, из двух локаций Чеченской Республики: образец из окрестностей Нихлоевских водопадов характеризуется фрагментами 400, 800 и 1000 п.н., тогда как образец из окрестностей Тазбичи —

фрагментами 300, 600 и 750 п.н. Полное отсутствие общих ампликонов между образцами позволяет предположить их принадлежность к разным видам рода *Mentha* L., что согласуется с высокой гибридизационной активностью и полиморфизмом геномов мяты. Для верификации видовой принадлежности требуется дальнейший молекулярно-генетический анализ.

У подорожника большого выявлен внутрипопуляционный полиморфизм: ампликоны длиной 700 п.н. и 280 п.н. При использовании праймера 003 получены видоспецифичные спектры амплификации для пяти исследованных видов: *Allium ursinum* (фрагменты 170 и 235 п.н.), *T. officinale* (190, 210 и 240 п.н.), *Mentha* x *piperita* (200 и 210 п.н.), *Plantago major* (150 и 300 п.н.) и *S. glutinosa* (100, 200 и 450 п.н.). Для черемши отмечена мономорфность локуса (отсутствие различий между популяциями из Бамута и Новоекатериновской).

Полученные данные демонстрируют пригодность маркеров 091, 003 для фрагментного анализа генетического разнообразия лекарственных растений на территории Чеченской Республики.

При анализе электрофоретического спектра попытались выделить диагностические аллели для медвежьего лука. Однако уникальных аллелей для разных популяций обнаружено не было. Наблюдаемое число аллелей равнялось 5 в случае с праймером 110 и 7 – с праймером 113. Размеры полос для каждого образца совпадали вне зависимости от популяционной принадлежности. Во всех 4 образцах медвежьего лука из разных мест обитания амплифицированы две полиморфные полосы размером 170 и 235 п.н., соответствующие, по-видимому, одним и тем же простым мотивам повторения последовательности.

Предварительный анализ полиморфизма на основе данных, полученных с праймером 003, показал отсутствие внутривидовой вариабельности у *Allium ursinum* и *T. officinale* (мономорфность по данному локусу) при высоком уровне межвидового полиморфизма. Информативность маркера (PIC) оценена как высокая (~0,75–0,80). Расчёт генетических дистанций Нея выявил наибольшую обособленность *Plantago major* от остальных видов (D = 0,75), тогда как *Allium ursinum* и *Mentha* x *piperita* демонстрируют относительную генетическую близость (D = 0,50).

Однако данное исследование имеет ограничительный характер в связи с небольшим количеством исследованных образцов каждого вида, но может быть полезным для инициирования разработок молекулярных маркеров ценных видов растений.

Список литературы

1. Бисултанова З.И., Ацаева М.М., Джамбетова П.М. Использование геномных SSR-маркеров RAPD-и ISSR- анализа для оценки генетического разнообразия одуванчика лекарственного // Современная наука: актуальные проблемы теории и практики. Естеств. и техн. науки. 2022. № 1. С. 12–16. EDN: FWGVJW. https://doi.org/10.37882/2223-2966.2022.01.08
2. Кулуев Б.Р., Фатерыга А.В., Кулуев А.Р., Михайлова Е.В., Чемерис А.В. Молекулярно-генетическое исследование одуванчика осеннего (*Taraxacum hybernum* Steven) с использованием SSR-, RAPD- и ISSR-маркеров // Вавиловский журн. генетики и селекции. 2018. Т. 22, № 1. С. 102–107. https://doi.org/10.18699/VJ18.337
3. Нигматуллина Н.В., Кулуев А.Р., Кулуев Б.Р. Молекулярные маркеры, применяемые для определения генетического разнообразия и видоидентификации дикорастущих растений // Биомика. 2018. Т. 10, № 3. С. 290–318. https://doi.org/10.31301/2221-6197.bmcs.2018-39

Информация об авторах:
Бисултанова Зура Исановна, ORCID ID 0000-0002-3925-8004
Джамбетова Петимат Махмудовна, ORCID ID 0000-0002-6431-4549

DOI: 10.48612/altuhov/2026_02-10

Филогенетические и эволюционные взаимосвязи внутри тетраплоидного вида пшениц *Triticum dicoccum* (полба) и между разными видами гексаплоидных пшениц

Драгович А.Ю.*, Фисенко А.В., Бадаева Е.Д.
Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова Российской академии наук, Москва, Россия
**e-mail: dragovich@vigg.ru*

Phylogenetic and evolutionary relationships within the tetraploid wheat species *Triticum dicoccum* (emmer) and among different hexaploid wheat species

Dragovich A.Yu., Fisenko A.V., Badaeva E.D.
Vavilov Institute of General Genetics, Russian Academy of Sciences, Moscow, Russia
**e-mail: dragovich@vigg.ru*

Резюме. Исследованы ландрасы 4x вида пшеницы - полбы *Triticum dicoccum* (геном AABB), а также семь видов 6x рода *Triticum* (геном AABBDD) методами SSAP и C-бэндинга. В результате показано подразделение европейских и эфиопских образцов полбы на разные генетические линии, выявлен хромосомный маркер для отличия южно- и центральноевропейских образцов, а также предложены пути распространения полбы из центров происхождения в различные регионы мира. Исследованиями разных видов 6x пшениц показано, что европейская спельта, имея уникальный генетический пул, образовалась независимо на территории Европы, подразделение европейской спельты на южно- и центральноевропейские группы вносит вклад в таксономию вида. Подтверждена гипотеза о происхождении голозерных 6x пшениц от предковой формы азиатской спельты, а также гипотеза о «кавказском пути» распространения голозерных пшениц из Азии в Европу.
Ключевые слова: полба, гексаплоидные (6x) пшеницы, ДНК-маркеры, C-бэндинг

Abstract. Landraces of the tetraploid (4x) wheat species *Triticum dicoccum* (genome AABB) and seven hexaploid (6x) species of the genus *Triticum* (genome AABBDD) were analyzed using SSAP markers and C-banding. The study demonstrated the differentiation of European and Ethiopian emmer samples into distinct genetic lineages, identified a chromosomal marker distinguishing South European from Central European samples, and proposed routes for the dispersal of emmer from its centers of origin to various regions of the world. Research on various hexaploid wheat species revealed that European spelt possesses a unique gene pool and originated independently within Europe; the subdivision of European spelt into South European and Central European groups contributes to the species' taxonomy. The study confirmed the hypothesis that free-threshing hexaploid wheats originated from an ancestral Asian spelts form, as well as the hypothesis regarding a "Caucasian route" for the dispersal of free-threshing wheats from Asia to Europe.
Keywords: spelt, hexaploid wheats, DNA markers, C-banding

В лаборатории популяционной генетики под руководством акад. Ю.П. Алтухова разработаны популяционно-генетические подходы для исследования различных видов животных и растений. Использование этих подходов в работах на культурных злаках, в частности пшеницах, позволяет расширить и развить научное наследие Ю.П. Алтухова.

Полба *Triticum dicoccum* — одна из древнейших одомашненных зерновых культур (геном AABB). Она имеет четыре подвида со специфическими морфо-экологическими признаками и географией распространения, внутри себя подвиды подразделяются на группы. Для выявления генетических взаимосвязей между разными группами мы использовали метод SSAP (полиморфизм амплификации специфических

последовательностей) на основе сайтов встраивания LTR-ретротранспозонов (LTR-RTs), также использовали метод C-бэндинга. Использование LTR-RTs маркеров обусловлено ее высокой эффективностью в популяционно-генетических исследованиях, учитывая также то, что LTR-RTs составляют около 70% всего генома пшеницы. Использование двух методов на одних и тех же 95 образцах позволяло оценить статистическую достоверность полученных результатов, которые полностью совпали, что подтверждено V-статистикой Крамера ($p \leq .0$). В результате исследования установлено, что изученные образцы полбы подразделяются на два мега-класса, обозначенных как восточный (Oriental) и западный (Occidental). Они относятся к двум разным генетическим пулам, происходящим из юго-восточной Турции и Южного Леванта соответственно. Класс «Oriental» соответствует подвиду *T. dicoccum* subsp *asiaticum* по классификации Дорофеева, тогда как «Occidental» включает в себя подвиды эфиопской (subsp. *Abyssinicum*) и европейской (subsp. *Dicoccum*) полбы. Внутри выделенных классов идет дальнейшая генетическая дифференциация: «Oriental» распадается на закавказский и волжско-балканский кластеры, а «Occidental» - на южноевропейский, центральноевропейский и эфиопский. Обнаружено, что четким маркером разделения европейской полбы на 2 группы является транслокация T7A:5B. Только в эфиопском подвиде subsp. *Abyssinicum*, обнаружены образцы, принадлежащие разным генетическим пулам. Опираясь на полученные нами данные, а также на историко-археологические источники, мы предложили вероятные пути распространения полбы из двух центров ее разнообразия в различные регионы мира (Рисунок). Первая волна миграции полбы (VIII–VII тыс. до н. э.), распространялась из Южного Леванта в западном направлении — в Южную и Центральную Европу (через южную часть Анатолии и Грецию), а также по всему Средиземноморью. Эта волна легла в основу формирования класса полбы «Occidental», образовав европейские группы, а также значительную часть генофонда эфиопской полбы. Другая генетическая волна шла из юго-восточной части Турции, она сформировала генофонд группы полбы «Oriental». Закавказские генотипы этой группы достигли Йемена на юге, Греции на западе и Индии на юго-востоке. Продвигаясь в северном направлении, закавказские генотипы дошли до Поволжья. Волжско-балканские генотипы прошли на Балканы, откуда впоследствии также проникли в Поволжье. Таким образом, генофонд российской полбы сформирован двумя генетическими потоками восточной группы: закавказским и волжско-балканским. В результате подтверждены старые и получены новые данные - показано подразделение европейских и эфиопских образцов на разные генетические линии, выявлен маркер для отличия южно- и центральноевропейских образцов – всё это вносит значительный вклад в таксономию вида, возможности использования генетического разнообразия культурной полбы в селекции пшеницы, а также дает представление о путях распространения *T. dicoccum* из центров происхождения в различные регионы мира.

Используя подходы и методы, указанные выше, мы проанализировали генетическое разнообразие и филогенетические связи семи видов гексаплоидной (6x) пшеницы (геном AABBDD), происходящих из различных географических регионов. Это спельты, трудно обмолачиваемые пленчатые пшеницы - *T. spelta*, эндемик Грузии *T. masha*, эндемик западного Китая *T. petropavlovskyi*. и эндемик Армянских высокогорий *T. vavilovii*; голозерные (легко обмолачиваемые) пшеницы – мягкая *T. aestivum*, компактная *T. compactum* и индийская шарозерная *T. sphaerococcum*. Все исследованные виды разделились на два достоверно различимых класса. В класс I вошла Европейская спельта - *T. spelta* subsp. *spelta*, подразделяющаяся еще на центральноевропейскую и

южноевропейскую (испанскую) ветви. В класс II попали все остальные виды. При этом к голозерным мягкой, компактной и шарозерной пшеницам присоединилась и азиатская спельта *T. spelta* subsp. *kuckuckianum* составляя тесный кластер видов. Виды *T. macha*, *T. vavilovii* и *T. petropavlovskyi* занимали в этой группе несколько обособленное положение, что, как предполагается, связано с их не совсем ясным происхождением. Из результатов следует, что европейская спельта характеризуется уникальным генетическим пулом и не могла произойти непосредственно от азиатской спельты, как предполагалось ранее; она сформировалась в Европе на определенном историческом этапе. Достоверное объединение азиатской спельты с тремя голозерными видами позволяет подтвердить предположение, высказанное ранее рядом авторов, что виды 6x пшениц произошли от предковой формы азиатской спельты. Объединение европейских и кавказских гексаплоидов в одну группу подтверждает гипотезу о «кавказском пути» распространения голозерных пшениц из Азии в Европу. Родство азиатской спельты с голозерными пшеницами подтверждает гипотезу о происхождении голозерных 6x пшениц от предковой формы азиатской спельты.

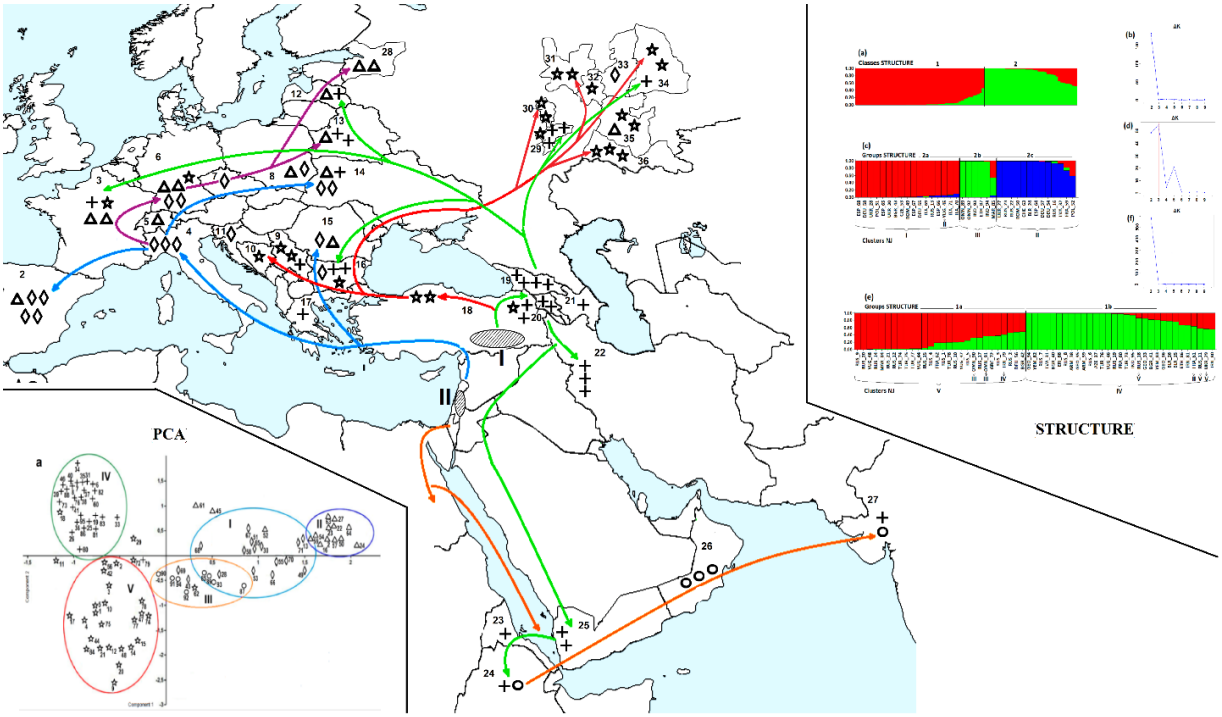


Рисунок – Пути распространения полбы *T. dicoccum*. Заштрихованные кружки: центры одомашнивания и расселения *T. dicoccum* на юго-востоке Турции (I) и в Южном Леванте (II). Стрелками указано распространение групп полбы: синие и фиолетовые – Южно- и Центрально-европейские группы; оранжевые – Эфиопская группа; зеленые – Закавказская группа; красные – Волго-Балканская группа.

Заключение. Таким образом использование научных популяционно-генетических подходов, разработанных под руководством Ю.П. Алтухова успешно проводятся исследования и на злаках, как на видовом, так и межвидовом уровне.

Информация об авторах:
Драгович Александра Юрьевна, ORCID ID 0000-0002-9731-0106
Фисенко Андрей Владимирович, ORCID ID 0000-0001-9063-1145
Бадаева Екатерина Дмитриевна, ORCID ID 0000-0001-7101-9639

DOI: 10.48612/altuhov/2026_02-11

Идентификация видов и межвидовых гибридов видов ивы (*Salix*, Salicaceae) из Якутии на основе изменчивости ITS-региона рДНК

Ефимова А.П.[1]*, Полякова Т.А.[2]
[1]*Институт биологических проблем криолитозоны СО РАН, Якутск, Россия*
[2]*Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова РАН, Москва, Россия*
**e-mail: aytaef@yandex.ru*

Identification of species and interspecific hybrids of willow (Salix, Salicaceae) species from Yakutia based on the variability of ITS rDNA region

Efimova A.P.[1]*, Polyakova T.A.[2]
[1]*Institute for Biological Problems for Cryolithozone SD RAS, Yakutsk, Russia*
[2]*Vavilov Institute of General Genetics of RAS, Moscow, Russia*
**e-mail: aytaef@yandex.ru*

Резюме. Приводятся результаты нуклеотидной изменчивости межгенных спейсеров ITS ядерной рибосомной ДНК с целью идентификации видов и межвидовых гибридов *Salix* (Salicaceae), произрастающих в Якутии. Видоспецифические различия в ITS-регионе в виде однонуклеотидных замен наблюдаются у видов подрода *Salix*. У *Salix triandra*, помимо однонуклеотидных замен, обнаружена однонуклеотидная инсерция. Обнаруженный низкий полиморфизм ITS-региона у видов подродов *Chamaetia* и *Vetrix*, вероятно, указывает на недостаточную дивергенцию или исторические внутриродовые гибридизации.
Ключевые слова: Salix, ITS-регион, рДНК, изменчивость, гибриды, Якутия

Abstract. The results of the nucleotide variability of ITS intergenic nuclear ribosomal DNA spacers for the identification of species and interspecific hybrids of *Salix* (Salicaceae) native to Yakutia are presented. In the ITS region single nucleotide polymorphisms are observed in species of the subgenus *Salix*. In the species *Salix triandra*, in addition to single nucleotide polymorphisms, a single nucleotide insertion was found. The revealed low polymorphism of the ITS region in the subgenera *Chamaetia* and *Vetrix* probably indicates insufficient divergence or historical intraspecific hybridization.
Keywords: Salix, ITS-region, rDNA, variability, hybrids, Yakutia

Выяснение роли гибридизации в изменчивости и эволюции высших сосудистых растений – одна из ключевых проблем фундаментальной биологии. Род *Salix,* известный своим полиморфизмом и активной межвидовой гибридизацией, представляет собой уникальную природную модель для изучения этих вопросов. В последние десятилетия в отношении этого рода разрабатывается гипотеза, согласно которой гибридизация служит источником широкой генетической изменчивости, значимой для адаптации, видообразования и эволюции ив [1-5]. Показано, что особи возвратных скрещиваний нередко сохраняются в популяциях и обусловливают широкий континуум полиморфных фенотипов, затрудняющий идентификацию образцов и неправомерно расширяющий рамки диагностических признаков. В настоящей работе кратко отражены результаты исследований генетической изменчивости и межвидовой гибридизации якутских ив на основе анализа полиморфизма ITS-региона, включающего межгенные спейсеры ITS1 и ITS2 и ген 5.8S ядерной рибосомной ДНК.

Материалом для исследования послужили 128 образцов ив, собранных в северных, центральных, юго-восточных, восточных и южных районах Якутии, а также взятых из

гербарных фондовых материалов (SASY). Всего изучен 31 вид и подвид ив из разных секций, а также 25 предполагаемых гибридов, отражающих весь континуум фенотипических вариаций. ДНК выделяли из молодых неповреждённых листьев, собранных с двулетних побегов и высушенных в силикагеле. Экстракцию проводили из 20–25 мг сухого растительного материала CTAB-методом [6]. Амплификацию ITS-фрагмента выполняли с праймерами ITS6 и ITS9 [7]. Условия ПЦР: денатурация 94°C – 1 мин, отжиг 58°C – 50 с, элонгация 72°C – 1 мин, 30 циклов. Амплификаты очищали с использованием набора Diatom DNA Elution («Лаборатория Изоген»). Секвенирование ITS-фрагментов выполнено в обоих направлениях в ЗАО «Евроген». Сиквенсы попарно выравнивали в BioEdit, множественное выравнивание проводили в ClustalW2. ITS последовательности депонированы в GenBank (PZ196264 – PZ196285).

Анализ ITS-последовательностей выявил различия между видами, секциями и подродами, представленные однонуклеотидными заменами (ОНЗ). У *Salix triandra*, помимо ОНЗ, обнаружена однонуклеотидная инсерция. Общая длина ITS-фрагмента составила 597 позиций, из которых 24 вариабельны, 13 филогенетически информативны. Спейсер ITS1 содержит 222–223 нуклеотида, ITS2 – 212, ген 5.8S – 163. Генетически наиболее обособленными оказались представители подрода *Salix* (секции *Pentandrae*, *Amygdalinae*). 8 аутапоморфных ОНЗ обнаружено у *S. pseudopentandra*, 3 ОНЗ и 1 инсерция – у *S. triandra*, и 2 ОНЗ у *S. arbutifolia*.

Фрагменты ITS-региона для большинства видов подродов *Vetrix* и *Chamaetia* оказались идентичны. Лишь у 8 видов из *Vetrix* (*S. viminalis, S. udensis, S. schwerinii, S. bebbiana, S. caprea, S. brachypoda, S. rorida, S. lanata)* и у одного из *Chamaetia* (*S. reptans)* обнаружены однонуклеотидные замены. Обнаруженная слабая изменчивость ITS-региона в этих подродах в целом согласуется с результатами исследований по Дальнему Востоку, Европе и Северной Америке [1-5]. Авторы солидарны во мнении, что низкая резолюция в этих подродах может свидетельствовать о низком уровне дивергенции, полифилетичном происхождении и активной интрогрессивной гибридизации между видами в прошлом.

Исследование полиморфизма ITS-региона в сочетании со сравнительно-морфологическим анализом позволило установить новые гибриды *Salix* и в некоторых случаях уточнить спорные гибридные образцы, для которых родительские виды не были очевидны. Из 25 исследованных нами предположительных гибридов (всего 52 образца из разных мест) на основе нуклеотидной изменчивости региона ITS подтверждены родительские формы для скрещиваний: *S. hastata* × *S. reptans*, *S. udensis* × *S. viminalis*, *S. boganidensis* × *S. udensis*, *S. brachypoda* × *S. hastata*, *S. brachypoda* × *S. fuscescens*, *S. brachypoda* × *S. myrtilloides*. Около 15 предположительных гибридов требуют дальнейшего подтверждения участия в интрогрессивной гибридизации. Четыре предполагаемых гибрида оказались «чистыми» видами. Кроме того, выявленный полиморфизм ITS-региона рДНК стал одним из доказательств гибридной природы *S.* × *zhataica* = *S. brachypoda* × *S. pyrolifolia* [8].

Таким образом, впервые для Якутии получены результаты, позволяющие оценить уровень нуклеотидной изменчивости ITS для различных видов *Salix* и подтвердить, что в естественной северной природе у ив широко распространен процесс межвидовой гибридизации. Для более глубокого понимания роли интрогрессивной гибридизации в изменчивости, адаптации популяций и эволюции рода необходимы дальнейшие комплексные исследования на стыке морфологической ботаники, геоботаники и

популяционной генетики с применением более широкого арсенала современных молекулярных методов.

Работа проводилась в рамках государственного задания Минобрнауки России № 126021217283-5 «Закономерности природной и антропогенной трансформации растительных сообществ наземных и водных экосистем восточного сектора криолитозоны (на примере Якутии)», а также № 125040404873-4 “Изучение генетического полиморфизма клетки, организма и популяции для разработки новых генетических технологий”.

Список литературы

1. Hardig T.M., Anttila C.K., Brunsfeld S.J. A phylogenetic analysis of *Salix* (Salicaceae) based on *matK* and ITS sequence data // Systematic Botany. 2010. Vol. 35. No. 1. P. 151–161. DOI: 10.1600/036364410790862678
2. Barkalov V.Y., Kozyrenko M.M. Phylogenetic analysis of the Far Eastern *Salix* (Salicaceae) based on sequence data from chloroplast DNA regions and ITS of nuclear ribosomal DNA // Botanica Pacifica. 2014. Vol. 3. No. 1. P. 3–19. DOI: 10.17581/bp.2014.03103
3. Wu J., Nyman T., Wang D.C., Argus G.W., Yang Y.P., Chen J.H. Phylogeny of *Salix* subgenus *Salix* s.l. (Salicaceae): delimitation, biogeography, and reticulate evolution // BMC Evolutionary Biology. 2015. Vol. 15. P. 31.
4. Wagner N.D., He L., Hörandl E. The evolutionary history, diversity, and ecology of willows (*Salix* L.) in the European Alps // Diversity. 2021. Vol. 13. P. 1–16. DOI: 10.3390/d13040146
5. Marinček P., Léveillé-Bourret É., Heiduk F., Leong J., Bailleul S.M., Volf M., Wagner N.D. Challenge accepted: Evolutionary lineages versus taxonomic classification of North American shrub willows (*Salix*) // American Journal of Botany. 2024. Vol. 111. No. 7. P. e16361. DOI: 10.1002/ajb2.16361
6. Doyle J. J., Doyle J.L. Isolation of plant DNA from fresh tissue // Focus. 1990. Vol. 12. P. 12-15.
7. Potter D., Still S.M., Grebenc T., Ballian D., Božič G., Franjiæ J., Kraigher H. Phylogenetic relationships in tribe Spiraeeae (Rosaceae) inferred from nucleotide sequence data // Plant Systematics and Evolution. 2007. Vol. 266. No. 1-2. P. 105–118. DOI: 10.1007/s00606-007-0544-z
8. Ефимова А.П., Полякова Т.А., Белоконь М.М., Белоконь Ю.С., Политов Д.В. Морфологическая и молекулярно-генетическая верификация межвидового гибрида *Salix* × *zhataica* (Salicaceae) из Центральной Якутии // Генетика. 2019. Т. 55. № 5. С. 524–530. DOI: 10.1134/S0016675819050059

Информация об авторах:
Ефимова Айталина Павловна, ORCID ID 0000-0003-3684-3432
Полякова Татьяна Александровна, ORCID ID 0000-0002-8258-127X

DOI: 10.48612/altuhov/2026_02-12

Генетический анализ пихты белой (*Abies alba* Mill.) в насаждениях естественного и искусственного происхождения Беларуси

Ивановская С.И.[1]*, Каган Д.И.[1], Барсукова М.М.[1], Маркевич М.С.[1], Падутов А.Е.[2], Падутов В.Е.[1]

[1]Институт леса Национальной академии наук Беларуси, Гомель, Республика Беларусь
[2]Гомельский государственный университет им. Ф. Скорины, Гомель, Республика Беларусь
**e-mail: isozyme@mail.ru*

Genetic analysis of silver fir (*Abies alba* Mill.) in natural and artificial stands in Belarus

Ivanovskaya S.I.[1]*, Kagan D.I.[1], Barsukova M.M.[1], Markevich T.S.[1], Padutov A.E.[2], Padutov V.E.[1]

[1]Institute of Forest of the National Academy of Sciences of Belarus, Gomel, Belarus
[2]Francisk Skorina Gomel State University, Gomel, Belarus
**e-mail: isozyme@mail.ru*

Резюме. Выполнен изоферментный анализ лесных насаждений и лесосеменных плантаций пихты белой в Беларуси. Лесосеменные плантации по всем показателям генетической изменчивости сопоставимы с насаждениями естественного происхождения из близлежащих частей ареала; отличаются по своей генетической структуре от автохтонных насаждений пихты Беларуси, характеризуясь сходством с популяциями из Польши и Украины.
Ключевые слова: пихта белая, изоферментный анализ, генетическая изменчивость, генетическая структура, генетическая дифференциация

Abstract. An isozyme analysis of forest stands and seed orchards of silver fir in Belarus have carried out. The seed orchards of silver fir are comparable in all indicators of genetic variability to the natural stands from nearby parts of its range. They differ in their genetic structure from the autochthonous stands of silver fir of Belarus, being characterized by similarities with populations from Poland and Ukraine.
Keywords: silver fir, isozyme analysis, genetic variability, genetic structure, genetic differentiation

Изменение климатических условий является масштабной проблемой, оказывающей отрицательное воздействие на природные экосистемы [1]. Из-за длительного жизненного цикла древесные виды сталкиваются с трудностями в адаптации к быстрым изменениям окружающей среды [2]. Проблема ослабления насаждений лиственных и хвойных древесных видов, снижения их биологической устойчивости актуальна и для Беларуси. Представляется целесообразным в настоящее время уделять больше внимания древесным видам, ранее широко не задействованным в лесовосстановлении и лесоразведении и которые могут получить экологическую и экономическую ценность в условиях изменяющегося климата. Одним из таких видов в Беларуси является аборигенный вид пихта белая (*Abies alba* Mill.). В настоящее время имеющиеся в Беларуси ресурсы пихты белой, являющиеся источником репродуктивного материала для лесовосстановления и лесоразведения, представлены 10,0 га насаждений в составе лесной формации [3] и 19,68 га лесосеменных плантаций (ЛСП) первого порядка.

Целью исследования являлось изучение генетического разнообразия, дифференциации и структуры лесных насаждений и лесосеменных плантаций пихты белой, произрастающих на территории Беларуси.

Проведенный молекулярно-генетический анализ двух автохтонных насаждений пихты белой «Тисовик» (Национальный парк «Беловежская пуща») и «Линовский пихтарник» (Пружанский лесхоз), лесного насаждения из Волковысского лесхоза и восьми лесосеменных плантаций первого порядка, выполненный на основе 17 изоферментных локусов по стандартным методикам [4], показал, что наименьшими значениями полиморфности локусов (P_{95}, P_{99}) и числа аллелей на локус (А) характеризовалось насаждение пихты белой «Линовский пихтарник», наибольшими – лесосеменная плантация Новогрудского лесхоза (Нв2007) (Таблица). Для сравнения в таблице приведены данные, полученные нами ранее для насаждений естественного происхождения из Польши и Украины [5].

Таблица – Значения основных показателей генетического разнообразия пихты белой в древостоях Беларуси

№ п/п	Анализируемый древостой *	Доля полиморфных локусов		Число аллелей на локус	Средняя гетерозиготность	
		P_{95}	P_{99}	А	ожидаемая H_e	наблюдаемая H_o
1	БП	0,353	0,412	1,471	0,121±0,015	0,135±0,015
2	Пр	0,294	0,294	1,294	0,104±0,028	0,141±0,028
3	Вл	0,353	0,353	1,353	0,090±0,022	0,096±0,022
4	Мг2006	0,353	0,529	1,647	0,121±0,007	0,120±0,007
5	Нв2007	0,353	0,647	1,941	0,127±0,007	0,137±0,007
6	Ив2008	0,471	0,588	1,588	0,129±0,017	0,147±0,017
7	Ив2009	0,294	0,588	1,647	0,114±0,014	0,113±0,014
8	Ив2010	0,294	0,529	1,588	0,107±0,011	0,107±0,011
9	Гр2006	0,294	0,529	1,588	0,109±0,012	0,124±0,012
10	Лб2008	0,353	0,529	1,765	0,143±0,010	0,146±0,010
11	Мл2008	0,353	0,529	1,765	0,146±0,011	0,162±0,011
12	Украина	0,294	0,529	1,765	0,117±0,007	0,127±0,007
13	Польша	0,294	0,529	1,941	0,117±0,006	0,116±0,005

Примечание: * – БП – «Тисовик» (Беловежская пуща), Пр – «Линовский пихтарник» (Пружанский лесхоз), Вл – Волковысский л-з (лесное насаждение), Нв2007 – Новогрудский лесхоз (ЛСП 2007), Мг2006 – Могилевский л-з (ЛСП 2006), Ив2008 – Ивацевичский опытный л-з (ЛСП 2008), Ив2009 – Ивацевичский опытный л-з (ЛСП 2009), Ив2010 – Ивацевичский опытный л-з (ЛСП 2010), Гр2006 – Гродненский л-з (ЛСП 2006), Лб2008 – Любанский л-з (ЛСП 2008), Мл2008 – Милошевичский л-з (ЛСП 2008), Украина – насаждения естественного происхождения, Польша – насаждения естественного происхождения.

Наибольшими значениями ожидаемой и наблюдаемой гетерозиготностей среди лесных насаждений характеризовался древостой из Беловежской пущи, среди лесосеменных плантаций – ЛСП 2008 года закладки (Ивацевичский опытный, Любанский и Милошевичский лесхозы), наименьшие значения выявлены в насаждении Волковысского лесхоза и ЛСП 2010 года закладки (Ивацевичский опытный лесхоз).

На основе коэффициентов D_N с использованием невзвешенного парно-группового анализа (UPGMA) была построена дендрограмма, иллюстрирующая степень генетической дифференциации исследованных насаждений и лесосеменных плантаций пихты белой (Рисунок). Первый кластер составляют два автохтонных насаждения естественного происхождения, произрастающих в Беларуси на северо-восточной границе ареала вида (урочище «Тисовик» (Беловежская пуща) и «Линовский пихтарник» (Пружанский лесхоз)). Все остальные насаждения из Беларуси, Польши и Украины, и лесосеменные плантации сформировали второй кластер. Обособленность пихтарника из Волковысского лесхоза от таковых из Беловежской пущи и Пружанского лесхоза может свидетельствовать об его искусственном происхождении с использованием посадочного

материала из Польши или Украины. В структуре второго кластера четко выделяются два подкластера. Первый из них сформирован насаждениями из Польши и Украины, а также лесосеменными плантациями, созданными в более ранние годы (2006-2007 гг.) (исключение ЛСП Ивацевичского опытного лесхоза 2010 года закладки). Во второй подкластер вошли ЛСП более поздних лет закладки (2008-2009 гг.).

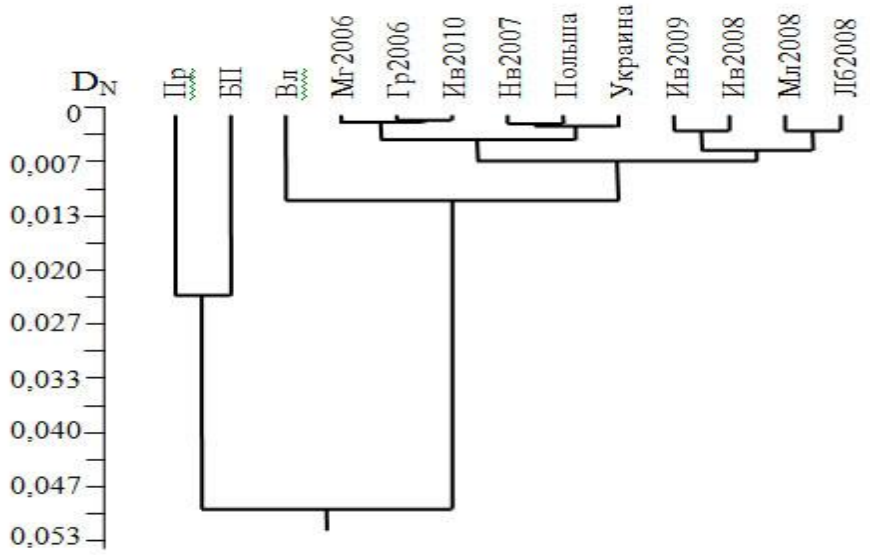


Рисунок – Генетическая дифференциация исследованных древостоев пихты белой.

Таким образом, на основе проведенного анализа выявлено, что исследованные лесосеменные плантации пихты белой из Беларуси обладают высоким уровнем генетического разнообразия и по всем показателям генетической изменчивости не уступают насаждениям естественного происхождения из близлежащих частей ареала. Оценка степени генетической дифференциации исследованных древостоев пихты белой показала, что генетическая структура лесосеменных плантаций и лесных культур пихты белой сходна с таковой, установленной для пихтовых насаждений Польши и Украины. Насаждение «Тисовик» (НП «Беловежская пуща») и «Линовский пихтарник» (Пружанский лесхоз) имеют сходную генетическую структуру, значительно отличающуюся от популяций пихты из Польши и Украины.

Список литературы

1. Vacek, Z., Vacek S., Cukor J. European forests under global climate change: review of tree growth processes, crises and management strategies // J. Environ. Manage. 2023. Vol. 332. P. 117353.
2. Dauphin B., Rellstab C., Schmid M., Zoller, S, Karger D.N., Brodbeck S., Guillaume, F., Gugerli F. Genomic vulnerability to rapid climate warming in a tree species with a long generation time // Glob. Chang. Biol. 2021. Vol. 27 (6). P. 1181–1195.
3. Государственный лесной кадастр Республики Беларусь по состоянию на 01.01.2026 г. / М-во лесн. хоз-ва Респ. Беларусь, РУП «Белгослес». Минск, 2026. 55 с.
4. Гончаренко Г.Г., Падутов В.Е., Потенко В.В. Руководство по исследованию хвойных видов методом электрофоретического анализа изоферментов. Гомель, 1989. 164 с.
5. Гончаренко Г.Г., Савицкий Б.П. Популяционно-генетические ресурсы пихты белой в Беларуси. Гомель: ИЛ НАНБ, 2000. 122 с.

Информация об авторах:
Ивановская Светлана Ивановна, ORCID ID 0009-0006-6122-9476
Барсукова Марина Михайловна, ORCID ID 0009-0002-4802-3765
Маркевич Татьяна Сергеевна, ORCID ID 0000-0002-5191-4756
Падутов Александр Евгеньевич, ORCID ID 0000-0000-0000-0000
Падутов Владимир Евгеньевич, ORCID ID 0000-0001-7072-7975

DOI: 10.48612/altuhov/2026_02-13

Тестирование метода выявления полиморфизма хлоропластной ДНК (INDEL-PCR) в популяционно-генетических исследованиях рода Кровохлебка (*Sanguisorba* L.)

Колтунова А.М.[1]*, Куцев М.Г.[1]
[1]*Алтайский государственный университет, Барнаул, Россия*
**e-mail: asya-kolt@mail.ru*

Testing of the method for detecting chloroplast DNA polymorphism (INDEL-PCR) in population genetic studies of the genus *Sanguisorba* L.

Koltunova A.M.[1]*, Kutsev M.G.[1]
[1]*Altai State University, Barnaul, Russia*
** e-mail: asya-kolt@mail.ru*

Резюме. В работе протестированы INDEL-маркеры, разработанные на основе некодирующих участков хлоропластной ДНК, на 14 популяциях видов рода *Sanguisorba* L. (*S. officinalis, S. alpina, S. polygama, S. minor, S. azovtsevii*). Показана высокая разрешающая способность метода для оценки генетического разнообразия.
Ключевые слова: INDEL-PCR, cpDNA, non-coding regions, *Sanguisorba officinalis*, population genetics, genetic diversity

Abstract. In this study, a panel of INDEL markers developed based on noncoding regions of chloroplast DNA was tested on 14 populations of species of the genus *Sanguisorba* L. (*S. officinalis, S. alpina, S. polygama, S. minor, S. azovtsevii*). The high resolving power of the method for assessing genetic diversity was demonstrated.
Keywords: INDEL-PCR, cpDNA, non-coding regions, *Sanguisorba officinalis*, population genetics, genetic diversity

Благодаря высокой информативности и экономической доступности, InDel-маркеры, выявляющие различия в длине амплифицированных фрагментов ДНК, стали эффективной альтернативой SSR и SNP, что подтверждено их успешным применением в генетических исследованиях различных культур [1]. На основе анализа полногеномных последовательностей некоторых видов рода Кровохлебка нами были ранее разработаны 7 пар олигонуклеотидов, а также протестированы на некоторых представителях семейства Розоцветные (Rosaceae) [2]. Цель данной работы – оценить эффективность ранее разработанного метода на основе хпДНК для популяционно-генетического анализа *S. officinalis*.

Объектами исследования являлись 14 популяций, представляющих виды: К. лекарственная (*S. officinalis* L. – 10 популяций), К. альпийская (*S. alpina* Bunge – 2 популяции), К. малая (*S. minor* Scop. (1 популяция) и К. Азовцева (S. *azovtsevii* Krasnob. & Pschen – 1 популяция). Выделение ДНК осуществлялось по протоколу производителя набора для выделения ДНК DiamondDNA (ООО «Научно-производственная фирма “Алтайбиотех”», г. Барнаул). Реакцию амплификации проводили с применением готовой ПЦР смеси БиоМастер HS-Taq ПЦР (ООО «Биолабмикс», г. Новосибирск). Для анализы были использованы пары праймеров: Sang1 (3’-AGATCTCTTCCGATTTGAAAAA-5’, FAM-3’-AGGGGGCGGTCGAATTT-5’), Sang2 (3’-CGTCTTTGAGTACTCCGGCA-5’, FAM-3’-TAGATCACTACCCGGCCCAT-5’), Sang5 (3’-CCCTTCGAAACCGTACATGC-5’, FAM-3’-ATCGGGCGGATCTTTACTCG-5’), Sang7 (3’-GCCAACAGTTCATCACGGAA-5’, FAM-3’-CTTTCGTGCTTTGGTGGGTC-5’).

Длину амплифицированных фрагментов идентифицировали методом высокоразрешающего капиллярного электрофореза на генетическом анализаторе Нанофор 05 («Синтол», Россия) с использованием размерного стандарта СД-450.

Тестирование полиморфизмов подтвердило их высокую информативность. Наибольшее генетическое разнообразие зафиксировано для гибридогенного вида *S. azovtsevii* (He = 0.335, PIC = 0.278). Для вида *S. officinalis* установлена высокая генетическая однородность на всей изученной территории (средний Fst = 0.051), что указывает на постоянный поток генов между популяциями. Данным методом четко дифференцировали *S. officinalis* и *S. alpina* (Fst = 0.312), подтвердив их видовую самостоятельность. Вид *S. minor* показал максимальные значения дифференциации от всех представителей рода (Fst = 0.335–0.465). Таким образом, разработанный INDEL-PCR на основе некодирующих участков хпДНК является эффективным инструментом для популяционных исследований, позволяющим решать задачи идентификации гибридных таксонов и видовой самостоятельности.

Список литературы

1. Warsadiharja S.M., Amarillis S., Heo J. et al. Genetic mapping of tomato mutants using InDel markers between *S. pimpinellifolium* and two *S. lycopersicum* cultivars // Plant Biotechnology Reports. 2025. Vol. 19. P. 839–848. DOI: 10.1007/s11816-025-01010-x.
2. Колтунова А.М., Куцев М.Г., Муртазалиев Р.А. Универсальные ПЦР-праймеры для идентификации видов рода *Sanguisorba* и других представителей семейства Rosaceae // Turczaninowia. 2023. Т. 26, № 3. С. 126–136. DOI: 10.14258/turczaninowia.26.3.10.

Информация об авторах:
Колтунова Анастасия Максимовна, ORCID ID 0000-0002-3753-7958
Куцев Максим Геннадьевич, ORCID ID 0000-0003-2284-6851

DOI: 10.48612/altuhov/2026_02-14

Высокое разнообразие и отсутствие четко выраженной генетической структуры у *Picea obovata*: анализ изменчивости новых минисателлитных маркеров мтДНК

Кравченко А.Н.*, Экарт А.К.
Институт леса им. В.Н. Сукачева СО РАН – обособленное подразделение «ФИЦ «КНЦ СО РАН», Красноярск, Россия
**e-mail: kravchenko-anna.n@yandex.ru*

High diversity and lack of a distinct genetic structure in *Picea obovata*: analysis of variability of new mtDNA minisatellite markers

Kravchenko A.N.*, Ekart A.K.
Sukachev Institute of Forest, Siberian Branch, Russian Academy of Sciences, Federal Research Center «Krasnoyarsk Science Center Siberian Branch, Russian Academy of Sciences», Krasnoyarsk, Russia
**e-mail: kravchenko-anna.n@yandex.ru*

Резюме. Представлены результаты исследования генетического разнообразия и структуры *Picea obovata* Ledeb. на основе изменчивости пяти минисателлитных фрагментов мтДНК. Всего у 717 деревьев из 30 природных популяций выявлено 27 гаплотипов. Уровень несмещенного гаплотипического разнообразия варьировал от нуля до 0.877 (в среднем 0.480). Доля изменчивости между популяциями составила 42.5 % (F_{ST} = 0.425, $p < 0.001$),

однако четко выраженной географической структуры распределения генетической изменчивости в пределах исследованной части ареала не выявлено, при этом отмечается региональная закономерность в частоте встречаемости некоторых гаплотипов.
Ключевые слова: *Picea obovata*, генетическая структура, митохондриальная ДНК, минисателлиты

Abstract. The genetic diversity and structure of *Picea obovata* Ledeb. was studied based on the variability of five minisatellite fragments of mtDNA. A total of 27 haplotypes were identified in 717 trees from 30 natural populations. The unbiased haplotype diversity ranged from zero to 0.877 (average 0.480). The interpopulation component of variability accounted for 42.5% ($F_{ST} = 0.425$, $p < 0.001$), while no distinct geographic structure in the distribution of genetic variability was revealed within the studied part of the range, although a regional pattern is noted in the frequency of occurrence of some haplotypes.
Keywords: *Picea obovata*, genetic structure, mitochondrial DNA, minisatellites

Филогеографические исследования ели сибирской (*Picea obovata* Ledeb.) в необходимом объеме практически не проводились в связи с отсутствием пригодных для изучения этого вида маркеров мтДНК. Широко используемый минисателлитный локус второго интрона гена *nad1* оказался практически мономорфным на большей части ареала [1, 2]. Другой высокополиморфный локус *mh44* также оказался непригодным для исследования популяционной структуры ели сибирской, так как не было выявлено географической закономерности в распределении его аллелей в пределах ареала вида [3].

В настоящее время на основе митохондриального генома *Picea abies* (L.) Karst. [4] разработаны шесть новых минисателлитных локусов (Pam1, Pam2, Pam3, Pam4, Pam5 и Pam6) для исследования популяционной структуры ели сибирской и ели европейской [5].

Цель данного исследования – протестировать новые маркеры мтДНК на большом числе популяционных выборок, представляющих основные районы распространения *P. obovata*, и на основе анализа их изменчивости оценить разнообразие и выявить популяционную структуру вида.

В исследование были включены 30 природных популяций из Красноярского края, Новосибирской, Иркутской, Магаданской областей, Ханты-Мансийском АО, республик Алтай, Хакасия, Тыва, Бурятия, Якутия и из Монголии. Размер выборок составил от 13 до 29 и общей численностью 717 деревьев.

Локус Pam3 из-за нестабильной амплификации в ряде популяций пришлось исключить из анализа. Локус Pam5 оказался полностью мономорфным во всех изученных популяциях, четыре других были изменчивы и имели от 2 (Pam6) до 10 (Pam1) аллелей. В каждом локусе лишь 1–2 аллеля являлись общими и наиболее частыми для популяций, остальные аллели встречались не во всех популяциях, некоторые из них относились к категории редких и уникальных. Сочетание аллелей пяти локусов дало 27 гаплотипов, однако только пять из них встретились в совокупной выборке деревьев с частотой более 5%. В отдельных популяциях число выявленных гаплотипов варьировало от 1 до 11.

Распределение гаплотипов по ареалу показывает тренд снижения разнообразия в восточном направлении, кроме того, наблюдается некоторая региональная закономерность в частоте их встречаемости. Так гаплотип 1 представлен практически во всех изученных популяциях с частотой 4–82% и полной его фиксацией в отдельных восточносибирских популяциях. Гаплотип 2 фиксирован или встречается с высокой частотой (21–92%) в популяциях Байкальского региона, тогда как в популяциях западнее оз. Байкал он выявлен лишь в нескольких выборках с частотой, не превышающей 42%.

Гаплотипы 3 и 5 преимущественно распространены в западносибирских и алтайских популяциях, а также в северных популяциях Красноярского края. Наибольшая частота встречаемости гаплотипа 4 отмечена в популяциях, произрастающих в верхнем течении Енисея. Гаплотип 6, частота которого в совокупной выборке деревьев не превышает 5%, представлен в южнобайкальских популяциях с частотой 4–54%. В популяции ели из Магаданской области фиксирован редкий гаплотип 7. Остальные гаплотипы (8–27) являются редкими, хотя некоторые из них в отдельных выборках встречаются с частотой 30%, или уникальными.

Уровень несмещенного гаплотипического разнообразия (*uh*) в исследуемых популяциях варьирует от нуля до 0.877 со средним значением 0.480. Наибольшие значения этого показателя установлены в западносибирских, алтайских, южнобайкальских популяциях и в северных популяциях Красноярского края.

Доля межппопуляционной компоненты изменчивости составляет 42.5 % (F_{ST} = 0.425, $p < 0.001$). Однако несмотря на достаточно высокую дифференциацию и приуроченность отдельных гаплотипов к определенному региону, ординация популяций не позволила выявить четкую географическую закономерность в распределении генетической изменчивости в исследованной части ареала вида (Рисунок).

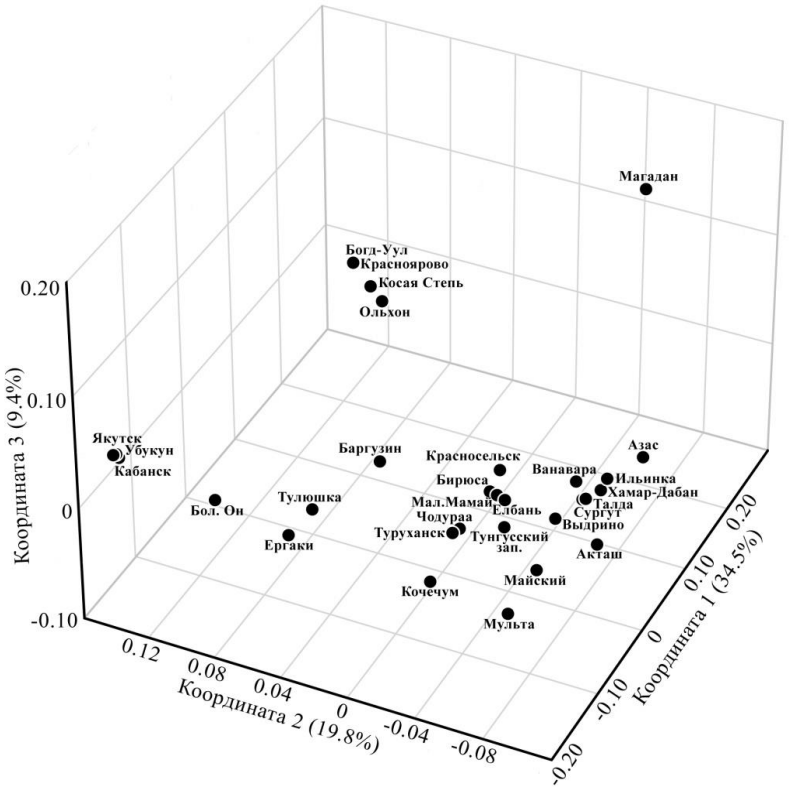


Рисунок – Дифференциация популяций *P. obovata* на основе PCoA матрицы парных значений *F*st.

Две географически близкие группы популяций, большинство из которых относятся к Байкальскому региону (Кабанск, Убукун, Якутск с одной стороны и Ольхон, Косая Степь, Красноярово, Богд-Уул с другой), значительно дифференцированы как между собой, так и от других изученных популяций. Связано это с тем, что в них фиксирован или встречается с высокой частотой какой-то один из двух наиболее распространенных гаплотипов.

Дифференциация магаданской популяции обусловлена ее изолированностью от основного ареала вида на сотни километров и фиксацией в ней очень редкого гаплотипа, что может указывать на существование ледникового рефугиума ели сибирской в этом регионе [6].

Сочетание высокого уровня изменчивости использованных маркеров мтДНК со слабо выраженной географической структурой на большей части ареала ели сибирской согласуется с данными предыдущих исследований по фрагменту *mh44* мтДНК, ядерным и хлоропластным микросателлитным локусам и SNP.

Работа выполнена в рамках бюджетного проекта № FWES-2024-0028.

Список литературы

1. Tollefsrud M.M., Latałowa M., van der Knaap W.O. et al. Late Quaternary history of North Eurasian Norway spruce (*Picea abies*) and Siberian spruce (*Picea obovata*) inferred from macrofossils, pollen and cytoplasmic DNA variation // Journal of Biogeography. 2015. V. 42. № 8. P. 1431–1442. https://doi.org/10.1111/jbi.12484
2. Мудрик Е.А., Полякова Т.А., Шатохина А.В. и др. Пространственное распределение гаплотипов второго интрона гена *nad1* в популяциях комплекса европейской и сибирской елей (*Picea abies – P. obovata*) // Генетика. 2015. Т. 51. № 10. С. 1117–1125. https://doi.org/10.7868/S0016675815100124
3. Экарт А.К., Семериков В.Л., Ларионова А.Я., Кравченко А.Н. Изменчивость локуса *mh44* митохондриальной ДНК в популяциях ели сибирской // Генетика. 2020. Т. 56. № 7. С. 842–847. https://doi.org/10.31857/S0016675820070036
4. Sullivan A.R., Eldfjell Y., Schiffthaler B. et al. The Mitogenome of Norway Spruce and a Reappraisal of Mitochondrial Recombination in Plants // Genome Biology and Evolution. 2020. V. 12. № 1. P. 3586–3598. https://doi.org/10.1093/gbe/evz263
5. Semerikov V.L. New Mitochondrial DNA Markers for Studying the Population Structure of Siberian and European Spruce // Russ. J. Genetics. 2025. V. 61. № 9. P. 1088–1094. doi:10.1134/S1022795425700619
6. Мочалова О.А., Андриянова Е.А. Об изолированных местонахождениях *Picea obovata* (Pinaceae) на северо-востоке Азии // Ботан. журнал. 2004. Т. 89. № 12. С. 1823–1839.

Информация об авторах:
Кравченко Анна Николаевна, ORCID ID 0000-0002-4436-7942
Экарт Александр Карлович, ORCID ID 0000-0002-8106-596X

DOI: 10.48612/altuhov/2026_02-15

Прогнозирование адаптированности популяций лиственницы сибирской (*Larix sibirica* Ledeb.) к будущим климатическим условиям на основе показателя геномного смещения с использованием полногеномного SNP-генотипирования, ген-среда ассоциаций и прогностических климатических моделей

Крутовский К.В.[1,2,3,4]*, Новикова С.В.[2,5], Орешкова Н.В.[2,5,6], Шаров В.В.[2,5]

[1]Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова РАН, Москва, Россия

[2]Сибирский федеральный университет, Красноярск, Россия

[3]Научно-технический университет «Сириус», Краснодарский край, Федеральная территория «Сириус», Россия

[4]Воронежский государственный лесотехнический университет им. Г.Ф. Морозова, Воронеж, Россия

[5]Федеральный исследовательский центр «Красноярский научный центр СО РАН», Красноярск, Россия

[6]Институт леса им. В.Н. Сукачева ФИЦ КНЦ СО РАН, Красноярск, Россия

** e-mail: kkrutovsky@gmail.com*

Predicting adaptability of Siberian larch (*Larix sibirica* Ledeb.) populations to future climatic conditions based on genomic offset using genome-wide SNP-genotyping, gene-environment associations, and prognostic climatic models

Krutovsky K.V. [1,2,3,4]*, Novikova S.V.[2,5], Oreshkova N.V.[2,5,6], Sharov V.V.[2,5]

[1]*Vavilov Institute of General Genetics, Russian Academy of Sciences, Moscow, Russia*

[2]*Siberian Federal University, Krasnoyarsk, Russia*

[3]*Sirius University of Science and Technology, Krasnodar Krai, Sirius Federal Territory, Russia*

[4]*G.F. Morozov Voronezh State University of Forestry and Technologies, Voronezh, Russia*

[5]*Federal Research Center, Krasnoyarsk Science Center of the Siberian Branch of the Russian Academy of Sciences, Krasnoyarsk, Russia*

[6]*V.N. Sukachev Institute of Forest, Siberian Branch of Russian Academy of Sciences, Krasnoyarsk, Russia*

** e-mail: kkrutovsky@gmail.com*

Резюме. Мы оценили уязвимость 37 популяций сибирской лиственницы (*Larix sibirica* Ledeb.) из разных частей ареала вида к будущим изменениям климата, используя подходы по изучению геномного смещения (GO), основанные на полногеномном генотипировании методом ddRADseq, связи изменчивости генов с биоклиматическими переменными окружающей среды и использованием нескольких прогностических климатических сценариев и моделей. Обнаружена существенная вариация климатической уязвимости по всему ареалу вида, показана геномная основа для климатически адаптивного сохранения и управления лесами и рассмотрены дальнейшие перспективные направления изучения геномного смещения.

Ключевые слова: бореальные леса, климатические модели, ddRADseq, геномное смещение, *Larix sibirica*, SNPs

Abstract. We assessed the vulnerability of 37 Siberian larch (*Larix sibirica* Ledeb.) populations from different parts of the species' range to future climate change. Our approach integrated genomic offset (GO) analysis - based on genome-wide ddRADseq SNP-genotyping and associations between genetic variation and bioclimatic variables - with multiple predictive climate scenarios and models. We identified substantial variation in climate vulnerability across the species' range, demonstrated a genomic basis for climate-adaptive forest conservation and management, and discussed promising future directions for genomic offset research.

Keywords: boreal forest, climate models, ddRADseq, genomic offset, *Larix sibirica*, SNPs

Из-за стремительного изменения климата лесные деревья сталкиваются с серьёзными проблемами для выживания. Медленная смена поколений и ограниченная способность к миграции не позволяют им быстро адаптироваться, хотя их пыльца и семена способны перемещаться на большие расстояния. Прогнозирование того, как лесные популяции будут реагировать на будущие климатические условия, имеет большое значение для разработки научно обоснованных стратегий сохранения и адаптивного управления лесами. Данные генотипирования по большому числу полиморфных локусов в геноме, чья изменчивость коррелирует с изменчивостью важных биоклиматических переменных, дают основу для анализа и прогнозирования адаптивной генетической изменчивости и позволяют количественно оценить уязвимость конкретных популяций к изменениям окружающей среды. Путём сопоставления соответствия текущих ассоциаций генов и биоклиматических факторов окружающей среды (GEA - gene–environment association) с прогнозируемыми будущими климатическими условиями возможна оценка степени, в которой генофонд популяции должен измениться для адаптации к новым

климатическим условиям в будущем (т.н., genomic offset - GO). Мы считаем, что оценка GO является очень полезным инструментом для выявления уязвимых популяций, управления миграцией и генным потоком, а также включения эволюционных процессов в планирование природоохранных мероприятий. Однако эта оценка и прогнозы зависят от правильной идентификации адаптивной генетической изменчивости и установления достоверных связей генотипов со средой, которые требуют эмпирической проверки.

В нашем исследовании изучена уязвимость 37 популяций сибирской лиственницы (*Larix sibirica* Ledeb.) из климатически контрастных регионов России к будущим изменениям климата с помощью оценки GO на основе анализа ассоциации генотипов 488 деревьев лиственницы по 20547 биаллельным SNP-маркерам, полученным методом ddRADseq (double digest restriction-site associated DNA sequencing), с биоклиматическими переменными окружающей среды [1]. Анализ ассоциации генов и окружающей среды тремя разными методами GEA (BayeScEnv, LFMM2 и RDA) выявил потенциальные адаптивные локусы, чья изменчивость связана с шестью ключевыми биоклиматическими переменными. На основе этих локусов оценка GO проводилась с использованием трех подходов, реализованных в рамках RONA–RDA, RDA и Gradient Forest в условиях трёх климатических моделей (MIROC6, BCC-CSM2-MR, MRI-ESM2-0), трёх сценариев (SSP2-4.5, SSP3-7.0, SSP5-8.5) и трёх временных периодов (2041–2060, 2061–2080 и 2081–2100).

Результаты выявили устойчивые пространственные закономерности уязвимости: северные и высокогорные популяции, а также популяции из более континентальных и влажных регионов, демонстрировали наибольшую уязвимость (наиболее высокий уровень GO) и, следовательно, наибольший риск дезадаптации. В отличие от них, несколько центральных и южных популяций показали относительно низкую уязвимость (Таблица, Рисунок).

Была подчеркнута важность температурной стабильности (изотермичности) и количества осадков в самый засушливый месяц как ключевых факторов адаптивной изменчивости. Несмотря на различия в наборах данных SNP, ранжирование популяций оставалось весьма согласованным, что подтверждает надежность прогнозов. В целом, наши результаты демонстрируют существенную неоднородность климатической уязвимости по всему ареалу вида и обеспечивают геномную основу для стратегий сохранения, включая вспомогательный обмен генами и климатадаптивное управление лесами.

Таблица – Классификация адаптивности 37 популяций сибирской лиственницы на основе анализа геномного смещения (GO) по данным полиморфных локусов чья изменчивость коррелировала с изменчивостью биоклиматических переменных

Адаптивность	**Ранг**	**Цвет на карте (рис. 1)**	**Значение**
Низкая	≤ Q1	Темно-зеленый	Хорошо адаптируется
Умеренная	Q1–Median	Светло-зеленый	Слабый риск
Повышенная	Median–Q3	Желтый	Умеренный риск
Высокая	Q3–P90	Оранжевый	Дезадаптация
Очень высокая	≥ P90	Красный	Высокая дезадаптация

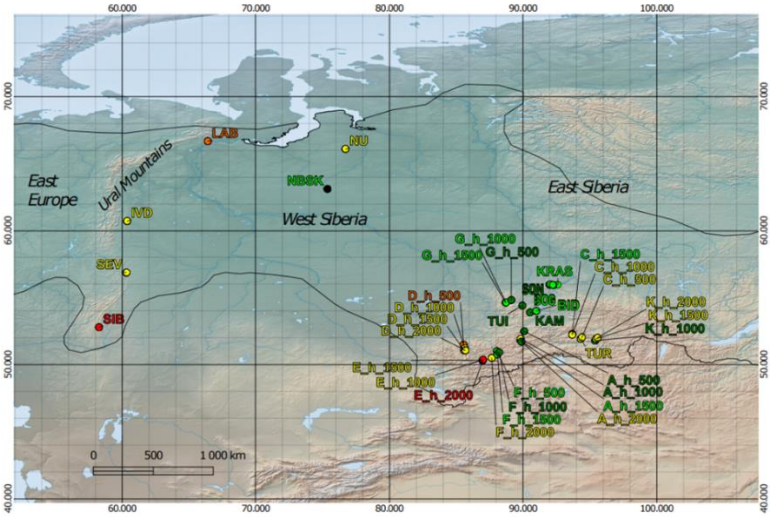


Рисунок – Прогнозируемая уязвимость 37 популяций лиственницы сибирской на основе средних значений геномного смещения (GO), усредненных за три временных периода (2041–2060, 2061–2080 и 2081–2100) и трех климатических глобальных климатических моделей (MIROC6, BCC-CSM2-MR и MRI-ESM2-0), оцененная с использованием анализа избыточности (RDA) и 795 SNPs, чья изменчивость коррелировала с изменчивостью биоклиматических переменных. Сокращенные названия популяций и кружочки, представляющие их на карте, окрашены в пять цветов в соответствии со средними значениями GO и степенью их уязвимости, описанными в Таблице.

Исследование выполнено при частичном финансировании Министерства науки и высшего образования Российской Федерации по проекту FWES-2025-0015.

Список литературы

1. Novikova S.V., Oreshkova N.V., Sharov V.V., Krutovsky K.V. Genomic offset reveals Siberian larch (*Larix sibirica* L.) populations potentially vulnerable to future climate // Forests. 2026. V. 17(6). Article ID 696. https://doi.org/10.3390/f17060696

Информация об авторах:
Орешкова Наталья Викторовна, ORCID ID 0000-0003-1435-5083
Новикова Серафима Валерьевна, ORCID ID 0000-0001-5160-8970
Шаров Вадим Витальевич, ORCID ID 0000-0003-4926-291X
Крутовский Константин Валерьевич, ORCID ID 0000-0002-8819-7084

DOI: 10.48612/altuhov/2026_02-16

Анализ генетической структуры популяций представителей рода *Wisteria* Nutt. на Имеретинской низменности и сопредельных территориях

Крылова Е.А.[1,2]*, Минко Д.В.[1], Шипилина Л.Ю.[1,2], Хлесткина Е.К.[1,2]

[1] *Научно-технологический университет «Сириус», Научный центр генетики и наук о жизни, ФТ «Сириус», Краснодарский край, Россия*

[2] *Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова, Санкт-Петербург, Россия*

**e-mail: e.krylova@vir.nw.ru*

Genetic structure of *Wisteria* Nutt. Populations from Imeretinskaya lowland and adjacent territories

Krylova E.A.[1,2*], Minko D.V.[1], Shipilina L. Yu.[1,2], Khlestkina E.K.[1,2]

[1]*Sirius University of Science and Technology, Research Center of Genetics and Life Sciences, FT «Sirius», Krasnodar Territory, Russia*

[2]*N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources, Saint Petersburg, Russia*

**e-mail: e.krylova@vir.nw.ru*

Резюме. Глициния (*Wisteria* Nutt.) — представитель семейства *Fabaceae* Lindl., широко используется в декоративном озеленении на Черноморском побережье России, в том числе на Имеретинской низменности и сопредельных территориях. Несмотря на широкое распространение в культуре, видовая принадлежность образцов глицинии на юге России остается неопределенной. Кроме этого, полностью отсутствует представление о генетическом разнообразии *Wisteria* на территории Российской Федерации.

Ключевые слова: Wisteria, генетическое разнообразие, микросателлиты, гербарные образцы, интродукция, Имеретинская низменность

Abstract. Wisteria Nutt. is a member of the *Fabaceae* Lindl. It is widely used in ornamental landscaping along the Black Sea coast of Russia, including the Imeretinskaya Lowland and adjacent territories. Despite its widespread cultivation, the species identity of *Wisteria* accessions in the south of Russia remains uncertain. In addition, there is a complete lack of understanding of the genetic diversity of *Wisteria* in the Russian Federation.

Keywords: Wisteria, genetic diversity, microsatellites, herbarium specimens, introduction, Imeretinskaya lowland

Глициния — листопадная древовидная лиана, широко используемая в вертикальном оформлении парков, скверов, жилых кварталов. Наряду с высокими декоративными качествами, глициния представляет особый интерес как источник биологически активных веществ, таких как флавоноиды, изофлавоны и т.д. Молекулярно-генетические, а также биохимические исследования глицинии немногочисленны. В настоящее время полностью отсутствуют данные о происхождении образцов глицинии на юге России, а видовая идентификация по морфологическим признакам в условиях интродукции значительно затруднена. Изучение генетического разнообразия образцов *Wisteria*, произрастающих на территории России, ранее не проводилось. В связи с этим целью настоящего исследования являлось изучение генетического разнообразия представителей рода *Wisteria*, произрастающих на Имеретинской низменности и сопредельных территориях с привлечением аутентичного гербарного материала из коллекций мирового уровня на основе результатов полиморфизма ДНК, а также оценки изменчивости морфологических признаков.

Материалом для исследования послужила выборка, включающая образцы рода *Wisteria*. Основу выборки составили 53 образца, произрастающие в условиях интродукции на территории юга России, преимущественно в пределах Имеретинской низменности и сопредельных территорий (Сочи и Краснодар), а также удаленных локаций (Республика Крым, Белгородская область). Кроме этого, материалом для исследования послужили также 37 аутентичных гербарных образцов из коллекций ВИР им. Н.И. Вавилова и Ботанического института РАН им. В.Л. Комарова (БИН). Растения всех образцов оценивали по 16 морфологическим признакам (число листочков в сложном листе, длина и ширина среднего листочка, длина и ширина бокового листочков, длина черешка, длина соцветия, число цветков в соцветии, длина цветоножки, длина боба, число семян в бобе,

окраска венчика, наличие и степень опушения черешков, листовой пластинки и бобов, характер роста и закручивания побегов). Выделение тотальной ДНК проводили с использованием наборов «Сорб-ГМО-Б» (“Синтол”, Москва), а также “D-Plants” (“Биолабмикс”, Новосибирск). Анализ полиморфизма микросателлитных локусов проводили с использованием ПЦР с флуоресцентно-меченными праймерами. Длины амплифицированных фрагментов определяли на генетическом анализаторе Нанофор-05 (“Синтол”, Москва) в присутствии маркера молекулярной массы СД-450. Размер аллелей определяли с использованием программного обеспечения «GeneMarkerV2.6.3».

В настоящей работе для одного и того же материала одновременно применены географо-морфологический подход и современные методы — молекулярно-генетический анализ, многомерная статистика (PCA, PCoA, AMOVA, кластеризация NJ и UPGMA), ГИС-технологии — что позволило сопоставить таксономическую и генетическую дифференциацию образцов глицинии. Морфологический анализ показал, что признаки генеративных органов вносят наибольший вклад для разграничения видов изучаемого рода. В ходе исследования впервые проведена комплексная оценка генетического разнообразия образцов рода *Wisteria* из материала, интродуцированного в России, а также аутентичного гербарного материала из коллекций ВИР и БИН. Стоит подчеркнуть, что ISSR- и SCoT-маркеры оказались непригодны для изучаемого объекта — низкая воспроизводимость профилей амплификации и малое число информативных локусов не позволили использовать их в данном исследование. Переход к микросателлитному анализу обеспечил стабильные и интерпретируемые результаты. SSR-маркеры, ранее апробированные только на одной популяции японской глицинии *W. floribunda*, в настоящем исследовании впервые были успешно применены для оценки генетического разнообразия собранных и гербарных образцов. Впервые проведено SSR генотипирование образцов глицинии различного происхождения; показана возможность использования пяти SSR-локусов для анализа современного и исторического материала. По данным AMOVA, 29,06% аллельной изменчивости приходится на различия между гербарной и современной группами, остальные 70,94% распределены внутри групп. Разделение подтверждается кластерным анализом и PCoA, при этом отмечается объединение образцов из Сириуса, Краснодара, Сочи и Белгородской области в отдельную подгруппу. Образцы из Республики Крым по аллельному составу SSR-маркеров группируются не с основной массой черноморских посадок, а с гербарными образцами *W. sinensis* из Азербайджана и Восточной Грузии. Для некоторых образцов можно предполагать статус гибридов в результате межвидовой гибридизации в условиях совместного культивирования нескольких видов.

Полученные в ходе настоящего исследования оригинальные данные о генетической и фенотипической структуре анализируемой выборки образцов видов глицинии дополнят современные представления о дифференциации этой группы.

Работа выполнена в рамках государственной программы федеральной территории «Сириус» «Научно-технологическое развитие федеральной территории “Сириус”» (Соглашение №18-03 от 10.09.2024).

Информация об авторах:
Крылова Екатерина Александровна, ORCID ID 0000-0002-4917-6862
Минко Дарья Валерьевна, ORCID ID 0009-0002-6337-9356
Шипилина Лилия Юрьевна, ORCID ID 0000-0001-7590-3173
Хлесткина Елена Константиновна, ORCID ID 0000-0002-8470-8254

DOI: 10.48612/altuhov/2026_02-17

Генетический и морфологический консерватизм *Calophaca wolgarica* (L. f.) Pall. ex Fisch. как одна из возможных причин его эндемизма

Кулисёва Ю.И.*, Кондратьева А.О., Кашин А.С.
Саратовский национальный исследовательский государственный университет им. Н.Г. Чернышевского, Саратов, Россия
**e-mail: yulya.kuliseva@mail.ru*

Genetic and morphological conservatism of *Calophaca wolgarica* (L. f.) Pall. ex Fisch. as one of the possible reasons for its endemism

Kuliseva Yu.I.*, Kondratieva A.O., Kashin A.S.
Saratov State University, Saratov, Russia
**e-mail: yulya.kuliseva@mail.ru*

Резюме. Проведена оценка степени морфологической и генетической изменчивости образцов из 24 природных и 2 реинтродукционных популяций эндемика *Calophaca wolgarica*. Для оценки морфологической изменчивости использовали неметрическое многомерное шкалирование (nMDS) по 17 признакам. Для выявления генетического полиморфизма секвенировали 8 регионов хлДНК (*atp*B–*rbc*L, *mat*K, *trn*L–*trn*F, *trn*S–*trn*G, *rbc*L, *rp*S16, *rpo*C1, *ycf*1) и спейсеров региона ITS1-5.8S-ITS2 ядерной ДНК, а также проводили ISSR-анализ. Установлено, что морфологическая изменчивость *C. wolgarica* на межпопуляционном уровне практически отсутствует, а внутри популяций – значительна. Вид демонстрирует генетическую однородность нуклеотидных последовательностей во фрагментах как ядерной, так и пластидной ДНК в пределах всего эндемичного ареала. Выявление анонимного полиморфизма с использованием ISSR маркёров также показало отсутствие четкого обособления каких-либо групп популяций *C. wolgarica*. Большая часть изменчивости приходилась на внутрипопуляционный полиморфизм.
Ключевые слова: Calophaca wolgarica, полиморфизм популяций, морфометрия, таргетное секвенирование, ISSR, расселение

Abstract. The degree of morphological and genetic variability of samples from 24 natural and 2 reintroduced populations of the endemic *Calophaca wolgarica* was assessed. Nonmetric multidimensional scaling (nMDS) for 17 traits was used to assess morphological variability. To identify genetic polymorphisms, 8cpDNA regions (*atp*B–*rbc*L, *mat*K, *trn*L–*trn*F, *trn*S–*trn*G, *rbc*L, *rp*S16, *rpo*C1, *ycf*1) and spacers of the ITS1-5.8S-ITS2 region of nuclear DNA were sequenced, and ISSR analysis was performed. It was established that morphological variability of *C. wolgarica* is virtually absent at the interpopulation level, but significant within populations. The species exhibits genetic homogeneity of nucleotide sequences in both nuclear and plastid DNA fragments throughout its endemic range. Identification of anonymous polymorphism using ISSR markers also revealed the absence of any distinct population groups of *C. wolgarica*. Most of the variability was due to intrapopulation polymorphism.
Keywords: Calophaca wolgarica, population polymorphism, morphometry, targeted sequencing, ISSR, dispersal

Майкараган волжский (*Calophaca wolgarica* (L. f.) Pall. ex Fisch.) – кустарник семейства Fabaceae, палеоэндемик юга Русской равнины, миоценовый реликт с дизъюнктивным ареалом. Численность популяций этого вида в последние десятилетия сокращается быстрыми темпами. Он включён в Красную книгу Российской Федерации [1]. Несмотря на наличие молекулярно-генетических исследований, посвящённых

филогенетическим связям и биогеографическому распространению рода *Calophaca* [2, 3], внутривидовой генетический полиморфизм *C. wolgarica*, а также генезис и расселение гапло- и риботипов в пределах ареала вида никогда ранее не изучался. При этом считается, что виды с ограниченным распространением более подвержены потере генетического разнообразия [4], что делает их более уязвимыми для воздействия меняющихся факторов окружающей среды. Целью данной работы было выявление биогеографических и филогеографических закономерностей распределения полиморфизма популяций *C. wolgarica* в пределах всего эндемичного ареала.

Проведена оценка степени морфологической и генетической изменчивости образцов 24 природных популяций *C. wolgarica*, произрастающих в Волгоградской и Ростовской обл., Республики Калмыкия и Ставропольском крае, и 2 реинтродукционных популяций в Саратовской области. Для оценки морфологической изменчивости использовали неметрическое многомерное шкалирование (nMDS) в среде R по 17 признакам. Дополнительно был проведён анализ морфологической изменчивости в разные годы наблюдений (2013, 2014 и 2024) с целью выявления её флуктуации. ДНК выделяли из листьев, высушенных в силикагеле, с использованием набора diaGene® для выделения ДНК из растительной ткани на спин-колонках согласно протоколу производителя. Для оценки генетической изменчивости секвенировали 8 регионов хлДНК (*atp*B−*rbc*L, *mat*K, *trn*L−*trn*F, *trn*S−*trn*G, *rbc*L, *rpS*16, *rpo*C1, *ycf*1) и спейсеров региона ITS1-5.8S-ITS2 ядерной ДНК. Прямые и обратные последовательности собирали и выравнивали вручную в программе BioEdit. Кроме того, проведен ISSR-анализ, способный выявить генетический полиморфизм у видов с низким уровнем изменчивости.

Установлено, что межпопуляционная морфологическая изменчивость у *C. wolgarica* отсутствует. Условия произрастания в каждый конкретный год, напротив, значительно сказываются на морфологической изменчивости *C. wolgarica*, но растения вида в пределах фактически всего эндемичного ареала реагируют на своеобразие этих условий в конкретный год вегетации сходным образом. Секвенирование участков хлоропластной и ядерной ДНК также не выявило различий между популяциями вида. По результатам анализа методом Байеса полиморфизма с использованием ISSR маркеров в программах STRUCTURE и NEW HYBRIDS выделены генетические группы, пространственное расположение которых указывает на то, что во время последних оледенений и регрессий Каспийского моря одна прапопуляция вида сохранилась в рефугиуме на Ставропольской возвышенности. Рефугиум второй прапопуляции охватывал юг Приволжской возвышенности вплоть до Ергеней. На основе результатов данного исследования и литературных источников проанализирован путь расселения *C. wolgarica*: на территорию современного ареала вид расселился от гор Тянь-Шаня, прежде всего, на Приволжскую возвышенность, обойдя Каспийское море с севера, а затем уже распространился на Ставропольскую возвышенность. При экологической однородности ареала и отсутствии географических барьеров для потока генов реликтовые эндемичные виды юга Восточной Европы на протяжении длительной истории своего существования остаются генетически и морфологически однородными (консервативными) несмотря на дизъюнктивность ареала [5].

Таким образом, морфологическая изменчивость *C. wolgarica* на межпопуляционном уровне практически отсутствует, а внутри популяций, наоборот, довольно значительна. Вид демонстрирует генетическую однородность нуклеотидных последовательностей во фрагментах как ядерной, так и пластидной ДНК в пределах всего эндемичного ареала.

Выявление анонимного полиморфизма с использованием ISSR маркёров также показало отсутствие четкого обособления каких-либо групп популяций *C. wolgarica*. Большая часть изменчивости приходилась на внутрипопуляционный полиморфизм.

Полученные в ходе работы результаты делают правомочным предположение о том, что эндемизм реликтовых видов юга Восточно-Европейской равнины при отсутствии географических барьеров и низкой экологической гетерогенности этой территории может быть следствием не столько потока генов, сколько следствием их морфологического и генетического консерватизма. Они удерживают за собой территории со стабильными «привычными» климатическими условиями, к которым адаптированы, но не выходят за их границы в силу слабой адаптивной способности. При этом за миллионы лет существования генофонд этих видов фактически не изменился, а ареал в прошлом, вероятно, испытал многократные сужения и расширения в зависимости от меняющихся климатических условий, связанных со сменой ледниковых и межледниковых периодов и с трансгрессивно–регрессивной динамикой уровня Каспийского моря.

Исследование выполнено за счет гранта Российского научного фонда № 24-24-00305, https://rscf.ru/project/24-24-00305/.

Список литературы

2. Шмараева А.Н., Баранова О.Г. Майкараган волжский – *Calophaca wolgarica* (L. f.) Pall. ex Fisch. // Красная книга Российской Федерации. Растения и грибы / отв. ред. Д.В. Гельтман. М.: ВНИИ «Экология», 2024. С. 268–269.
3. Zhang M.-L., Wen Z.-B., Fritsch P.W., Sanderson S.C. Spatiotemporal evolution of *Calophaca* (Fabaceae) reveals multiple dispersals in Central Asian Mountains // PLoS ONE. 2015. Vol. 10, № 4, art. e0123228. DOI: 10.1371/journal.pone.0123228
4. Duan L., Yang X., Liu P.L., Johnson G., Wen J., Chang Z.Y. A molecular phylogeny of Caraganeae (Leguminosae, Papilionoideae) reveals insights into new generic and infrageneric delimitations // PhytoKeys. 2016. Vol. 70. P. 111–137. DOI: 10.3897/phytokeys.70.9641
5. Octavio-Aguilar P., Rubio-Tobón C.A., Montelongo-Ruiz G., Galván-Hernández D.M. Evaluation of the diversity and genetic structure of *Ceratozamia kuesteriana* Regel. (Zamiaceae) in Tamaulipas, Mexico // Plant Species Biology. 2024. P. 1–13. DOI: 10.1111/1442-1984.12455
6. Kondratieva A.O., Parkhomenko A.S., Kritskaya T.A., Shilova I.V., Kasatkin M.Ju., Efimenko S. F., Kashin A.S. Variation patterns in populations of Eastern European *Globularia* (Plantaginaceae, Magnoliopsida) species due to habitat conditions // Biology Bulletin. 2024. Vol. 51, № 10. P. 3337–3352. DOI: 10.1134/S1062359024980061

Информация об авторах:
Кулисёва Юлия Игоревна, ORCID ID 0000-0002-3715-5837
Кондратьева Анна Олеговна, ORCID ID 0000-0001-5000-8914
Кашин Александр Степанович, ORCID ID 0000-0002-2342-2172

DOI: 10.48612/altuhov/2026_02-18

Феногенетическая структура популяций ели европейской (*Picea abies* (L.) Karst.) в Беларуси

Маркевич Т.С.*, Каган Д.И., Ивановская С.И., Падутов А.Е., Падутов В.Е.
ГНУ «Институт леса НАН Беларуси», Гомель, Республика Беларусь
e-mail: Tatjana2002_21@inbox.ru

Phenogenetic structure of Norway spruce (*Picea abies* (L.) Karst.) populations in Belarus

Markevich T.S., Kagan D.I., Ivanovskaya S.I., Padutov A.E., Padutov V.E.
State Scientific Institution "The Institute of Forest of the NAS of Belarus",
Gomel, Republic of Belarus
**e-mail: Tatjana2002_21@inbox.ru*

Резюме. Приведены данные соотношения особей *Picea abies* имеющих различное происхождение, полученные, как на основе фенетического анализа (ядерная ДНК), так и генетического (митохондриальная ДНК), в геоботанических подзонах Беларуси. Комплексы генов, определяемые по фену «угол заострения семенной чешуи», являются устойчивыми во времени и пространстве, что отражается в миграциях и количестве выявляемых особей. Несмотря на разнородность потоков генетической информации елей разного происхождения на протяжении многих поколений, в настоящее время сформировался единый генофонд вида.
Ключевые слова: Picea abies (L.) Karst, геоботанические подзоны, фен «угол заострения семенной чешуи», ядерная ДНК, митохондриальная ДНК

Abstract. The article presents data on the ratios of *Picea abies* individuals of different origins, obtained from both phenetic (nuclear DNA) and genetic (mitochondrial DNA) analysis. The results of the data analysis reflecting the characteristics of the migration process, as well as the quantitative ratios of the investigated individuals, showed that gene complexes defined by the seed scale angle phene are stable in time and space. A single gene pool of Norway spruce has now been formed despite the heterogeneity of genetic
Keywords: Picea abies (L.) Karst, geobotanical subzones, seed scale angle phene, nuclear DNA, mitochondrial DNA

Естественное становление и развитие ареала ели европейской (*Picea abies* (L.) Karst.) связано с геологической и палеогеографической историей вида. Геоботанический облик и фитоценотическая структура еловых лесов в различных частях обширного ареала ели зависят от климатических и почвенных условий. На севере бореальной области сплошного распространения ели (зона тайги) еловые леса характеризуются сочетанием европейских и сибирских элементов растительности. К юго-западу, в зоне смешанных лесов, происходит постепенное обогащение еловых фитоценозов западноевропейскими представителями — сначала дубом (дубово-еловые леса), затем дубом и грабом (дубово-грабово-еловые леса) и, наконец, у южной границы сплошного распространения ели насыщенность их дубравно-широколиственными видами достигает максимума [1]. Вследствие этого процессы формирования популяционной структуры *P. abies* в Беларуси могут иметь региональные особенности, обусловленные не только различной степенью действия элементарных эволюционных факторов (мутационный процесс, популяционные волны, изоляция, естественный отбор), но и факторов, наносящих значительный ущерб (изменение климата, рубки, пожары, ветровалы и буреломы и пр.) и создающих иные условия существования популяций. Популяционное разнообразие вида есть его потенциальная возможность реализации различных адаптационных механизмов, что повышает устойчивость при неблагоприятных внешних воздействиях.

Изучению потенциала *P. abies*, как ценного природного ресурса, учеными уделено немало внимания, как у нас в стране, так и за рубежом [2-7]. Однако популяции являются динамическими системами, и в разные периоды своего существования по-разному могут проявляться их популяционные признаки. Именно они являются фрагментами сформировавшейся на протяжении многих лет популяционной структуры *P. abies*, без

знания особенностей которой невозможно совершенствовать управление использования и сохранения ресурса.

В популяционно-генетических исследованиях живых организмов широко распространен фенетический анализ, основанный на изучении встречаемости признаков – фенов, обусловленных генотипически, характеризующихся некоторой степенью постоянства и неподразделяемых на составные компоненты без потери качества. К наиболее популярным фенам у *P. abies* относится «строение семенной чешуи», а точнее ее угол заострения, используемый при выделении subsp. *acuminata* и subsp. *abies*, соответственно называемыми «острочешуйчатой» и «тупочешуйчатой» елями. Следует отметить, что особи ели с отмеченными фенами имеют разное историческое происхождение: карпатское – «острочешуйчатая», бореальное – «тупочешуйчатая». Нами рассмотрено распространение особей, имеющих данные фены, в пределах геоботанических подзон: дубово-темнохвойных лесов, грабово-дубово-темнохвойных лесов, широколиственно-сосновых лесов, – в 45 ельниках. Установлено, что в пределах каждой подзоны в составе насаждений процент тупочешуйчатых особей выше. При этом в подзоне широколиственно-сосновых лесов и грабово-дубово-темнохвойных лесов процентное соотношение разных фенов равное (Рисунок, а). В ранее опубликованных научных работах приводятся данные по встречаемости subsp. *acuminata* и subsp. *abies* в разных геоботанических подзонах [3, 4]. Так, отмечается, что в широколиственно-сосновых лесах распространение «острочешуйчатой» ели достигает 85%, в то время как в подзонах грабово-дубово-темнохвойных и дубово-темнохвойных лесов, – соответственно 17–24% и 5–7%. Сравнивая данные видно, что в подзоне широколиственно-сосновых лесов произошло уменьшение в составе насаждений «острочешуйчатой» ели и увеличение ее в подзонах грабово-дубово-темнохвойных и дубово-темнохвойных лесов. Это подтверждает устойчивость генетического комплекса, маркируемого феном «угол заострения семенной чешуи» и отражает разнонаправленное действие миграционных потоков.

Часть наследственной информации не реализуется полностью фенотипически, но она также может отражать процессы, происходящие в популяциях. Так, маркерами ели карпатского и бореального происхождения служат соответственно два аллеля локуса митохондриальной ДНК *mt15-D02* 1249 п.н. и 753 п.н. (номер в GenBank HM047107). И в данном случае мы получаем несколько иное распространение особей с разным происхождением (Рисунок, б), чем при использовании фенов. Так, в подзоне широколиственно-сосновых лесов средний процент встречаемости особей с карпатским митотипом превышает на 12% количество особей с бореальным митотипом. При этом следует отметить неравномерность встречаемости: карпатский митотип – 38% древостоев, бореальный – 38% и только в 24% установлены оба митотипа. В подзоне грабово-дубово-темнохвойных лесов установлен низкий процент особей карпатского происхождения, а в подзоне дубово-темнохвойных лесов такие особи не отмечены.

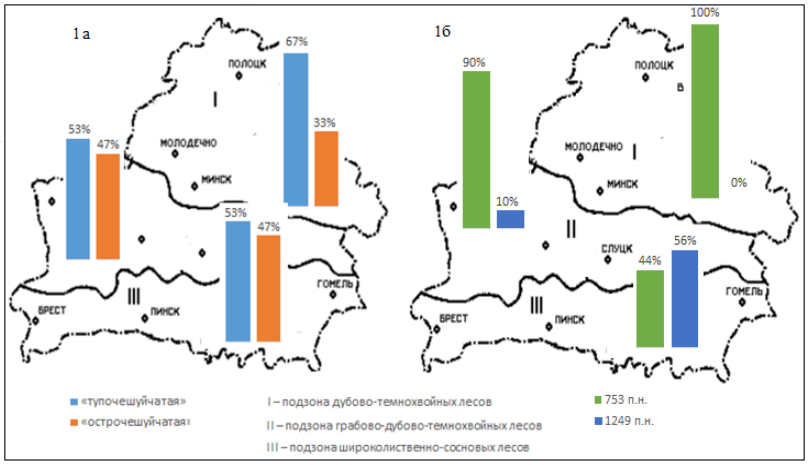


Рисунок – Распространение «тупочешуйчатой» и «острочешуйчатой» ели (1а) и митотипов локуса *mt15-D02* (1б) в геоботанических подзонах на территории Беларуси.

Как следует из изложенного выше, в составе популяций *P. abies* на территории Беларуси произрастают особи различного происхождения, выявляемые как фенетически (ядерная ДНК), так и по генным маркерам (митохондриальная ДНК). От расположения генетической информации (ядерная, митохондриальная ДНК) зависит скорость распространения генетической информации. Комплексы генов, определяемые по фену «угол заострения семенной чешуи» являются устойчивыми во времени и пространстве, что отражается в миграциях и количестве выявляемых особей. Таким образом, несмотря на разнородность потоков генетической информации елей разного происхождения на протяжении многих поколений в настоящее время сформировался единый генофонд вида.

Список литературы

1. Парфенов В.И. Проблемы использования и охраны растительного мира Белоруссии. Минск: Наука и техника, 1978, 104 с.
2. Парфенов В.И. Исследование еловых лесов и внутривидовой изменчивости ели обыкновенной на юге ареала (в Полесье): дис. … канд. биол. наук. Минск, 1964, 237 с.
3. Юркевич И.Д., Парфенов В.И. К вопросу о систематике *Picea abies* (L.) Karst. // Бюл. Главн. бот. сада АН СССР. М., 1967. Вып. 64. С. 41–48.
4. Юркевич И.Д., Голод Д.С., Парфенов В.И. Типология и формовой состав еловых лесов Белоруссии // Вопросы лесоведения. Красноярск, 1970. С. 130–185.
5. Падутов В.Е. Генетические ресурсы сосны и ели в Беларуси. Гомель: ИЛ НАН Беларуси, 2001, 144 с.
6. Падутов В.Е., Каган Д.И., Ивановская С.И., Баранов О.Ю., Маркевич Т.С. Геногеография ели европейской (*Picea abies* (L.) Karst.) по данным анализа цитоплазматической ДНК // Докл. Нац. акад. наук Беларуси. 2021. Т. 65 (4). С. 439–447. DOI: 10.29235/1561-8323-2021-65-4-439-447.
7. Kavaliauskienė I., Danusevičius D., Kembrytė-Ilčiukienė R., Baliuckas V. Origin Traceability and Genetic Structure Analysis of *Picea abies* Based on Nuclear Microsatellite Markers // Diversity. 2026. 18(6). 322; DOI: 10.3390/d18060322.

Информация об авторах:
Маркевич Татьяна Сергеевна, ORCID ID 0000-0002-5191-4756
Каган Дмитрий Ильич, ORCID ID 0000-0001-8381-5237
Ивановская Светлана Ивановна, ORCID ID 0009-0006-6122-9476
Падутов Владимир Евгеньевич, ORCID ID 0000-0001-7072-7975

DOI: 10.48612/altuhov/2026_02-19

De novo секвенирование и сборка генома *Wisteria* Nutt.

Минко Д.В.[1]*, Крылова Е.А.[1,2], Хлесткина Е.К.[1,2]
[1]*Научно-технологический университет «Сириус», Научный центр генетики и наук о жизни, ФТ «Сириус», Краснодарский край, Россия*
[2]*Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова, Санкт-Петербург, Россия*
**e-mail: minko.dv@mail.ru*

De novo sequencing and genome assembly of *Wisteria* Nutt.

Minko D.V.[1]*, Krylova E.A.[1,2], Khlestkina E.K.[1,2]
[1]*Sirius University of Science and Technology, Research Center of Genetics and Life Sciences, FT «Sirius», Krasnodar Territory, Russia*
[2]*N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources, Saint Petersburg, Russia*
**e-mail: minko.dv@mail.ru*

Резюме. Род *Wisteria* Nutt. (Fabaceae Lindl.) включает 4 вида древовидных лиан, широко используемых в ландшафтном озеленении. Видовая идентификация интродуцированных образцов затруднена. Несмотря на интерес к биохимическому и декоративному потенциалу глицинии, полногеномные данные для представителей рода на данный момент не представлены. Настоящая работа направлена на получение первой геномной сборки представителя рода *Wisteria* с применением гибридного подхода, объединяющего длинные и короткие прочтения.
Ключевые слова: Wisteria sp.*, de novo* сборка генома, пластом*, Fabaceae*

Abstract. The genus *Wisteria* Nutt. (Fabaceae) comprises 4 species of woody lianas widely used in landscape horticulture, for which species-level identification of introduced accessions is difficult. Despite interest in the biochemical and ornamental potential of wisteria, whole-genome data for representatives of the genus have been lacking to date. The present work aims to obtain the first genome assembly of *Wisteria* using a hybrid approach combining long and short reads.
Keywords: Wisteria sp., *de novo* genome assembly, chloroplast genome, *Fabaceae*

Глициния (*Wisteria* Nutt. - сем. Fabaceae Lindl., триба Wisterieae) — листопадная древовидная лиана, широко культивируемая как декоративное растение; видовая принадлежность интродуцированных в России образцов нередко остается неопределенной. Несмотря на широкое использование представителей рода, на момент подготовки настоящей работы ни для одного вида не опубликовано сборки ядерного генома; известны лишь единичные пластомные последовательности. Отсутствие референсного ядерного генома ограничивает возможности проведения геномных исследований, изучение эволюции лиановидной жизненной формы и поиск локусов ценных признаков также ограничены. В связи с этим целью настоящей работы являлось получение первой *de novo* сборки ядерного генома представителя рода *Wisteria* гибридным методом с последующей оценкой качества и полноты.

Материалом для исследования послужил образец *Wisteria* sp., собранный на территории Имеретинской низменности (Краснодарский край). Концентрацию и качество геномной ДНК определяли с использованием набора “Spectra Q” (“Raissol”, Россия). Для секвенирования библиотеку длинных фрагментов готовили с использованием набора Barcoding Kit 24 V14 (Oxford Nanopore Technologies, Великобритания); на этапах репарации повреждений ДНК и лигирования адаптеров применяли ферменты FFPE Repair

Mix, End Prep, Blunt/TA Ligase Master Mix и Quick Ligation Module (New England Biolabs, США). Секвенирование проводили на приборе PromethION P2 Solo (Oxford Nanopore Technologies); расшифровку сигнала выполняли в режиме реального времени с помощью программного обеспечения MinKNOW. Библиотеку коротких прочтений готовили с использованием набора VAHTS Universal DNA Library Prep Kit for Illumina V4 (“Vazyme”, Китай), включая этапы фрагментации ДНК, восстановления концов, лигирование адаптеров и амплификацию. Качество библиотек контролировали системой капиллярного электрофореза Qsep-400 (“Bioptic”, Тайвань). Секвенирование проводили на приборе SURFSeq 5000 (“GeneMind, Китай”) в режиме парного прочтения 2×150 п.н.

Контроль качества длинных прочтений выполняли с помощью программ NanoStat v1.6.0 и NanoPlot v1.46.2, последующую фильтрацию проводили с использованием программного обеспечения Filtlong v0.2.1. Оценку качества «сырых» коротких прочтений выполняли при помощи программы FastQC v0.12.1. Фильтрацию прочтений по длине и качеству, а также удаление адаптерных последовательностей проводили с использованием программы Trimmomatic v0.32. Размер гаплоидного генома и уровень гетерозиготности оценивали по k-мерному спектру с помощью биоинформатического инструмента GenomeScope2. *De novo* сборку проводили с использованием программы Flye v2.9.6. Улучшение качества полученной первичной сборки выполняли в той же программе двукратным повторением, гаплотипические дупликации устраняли с помощью инструмента purge_dups v1.2.x. Исправление одиночных ошибок сборки выполняли с использованием программы MaSuRCA v4.1.0. Полноту генного пространства оценивали с помощью алгоритма BUSCO v6.0.0 (база embryophyta_odb10), сборку контигов — QUAST v5.2.0. Хлоропластные контиги отбирали с использованием алгоритма BLASTN из пакета BLAST+ в референсных последовательностях глицинии, депонированных в международной базе NCBI. Последующую сборку проводили с помощью алгоритма tiling path, аннотацию хлоропластного генома выполняли с использованием онлайн инструмента GeSeq.

С помощью секвенирования на платформе PromethION P2 Solo было получено 2 186 475 прочтений суммарным объёмом 15,53 Гб; показатель N50 длины прочтений — 13 262 п.н., максимальная длина — 871 136 п.н., среднее качество Q15,6, медианное — Q19,6 (78,0% полученных прочтений превысили порог Q15). Всего после фильтрации общее число прочтений для последующей сборки составило 1 839 340 суммарной длиной 15,36 Гб (показатель N50 13 411 п.н.).

При помощи системы высокопроизводительного полногеномного секвенирования на приборе SURFSeq 5000 было получено 1 016 257 065 парных прочтений, длина которых составляла 150 п.н. с двух сторон фрагментов. Объем полученных данных составил ~304,8 Гб (Q30 93,4–94,7%), что, по предварительной оценке, соответствует 548-кратному покрытию относительно истинного гаплоидного размера генома глицинии. По результатам оценки по k-mer спектру коротких прочтений с помощью инструмента GenomeScope2, k=21 размер гаплоидного генома составил 555,5–559,0 Мб при уровне гетерозиготности 2,53–2,58% и доле повторяющихся элементов ~45,3%.

Первичная сборка с использованием программы Flye v2.9.6 содержала 30 143 контига суммарной длиной 1,14 Гб при показателе N50 равному 108 757 п.н. По результатам второго раунда исправления единичных ошибок консенсуса была получена итоговая сборка со следующими параметрами: число контигов сократилось до 18 021, суммарная длина — до 1,05 Гб, при этом показатель N50 увеличился до 120 345 п.н.

Оценка полноты генного набора по показателю BUSCO v6.0.0 с помощью набора fabales_odb10 составила C:98,6% [S:72,8%, D:25,8%], F:0,8%, M:0,6%; идентифицированная высокая доля дуплицированных ортологов (D:= 25,8%) согласуется с результатами, полученными с помощью инструмента GenomeScope2.

Среди контигов сборки с помощью алгоритма BLASTN из пакета BLAST+ был идентифицирован хлоропластный геном. Финальный пластом был собран из 14 контигов, его итоговая длина составила 135 279 п.н., показатель идентичности с референсной последовательностью *W. floribunda* (Willd.) DC. из международной базы нуклеотидных последовательностей NCBI (KM103376.1) 99,84–99,96%. Покрытие генов последовательности референса 97%. Структурная аннотация, выполненная в онлайн ресурсе GeSeq, выявила 112 уникальных генов, из которых 78 кодирующих белки, 30 — тРНК и 4 — рРНК.

Представленная в настоящей работе сборка является первой *de novo* геномной сборкой для представителя рода *Wisteria*. Полученные данные, несомненно, служат основой для последующей структурной и функциональной аннотации. Собранный и аннотированный пластом дополняет немногочисленные органельные геномные ресурсы для *Wisteria*. В дальнейшем полученные данные послужат основой для видовой идентификации образца и поиска локусов, ассоциированных с декоративными и биологически активными свойствами.

Работа выполнена в рамках государственной программы федеральной территории «Сириус» «Научно-технологическое развитие федеральной территории «Сириус» (Соглашение №18–03 от 10.09.2024).

Информация об авторах:
Минко Дарья Валерьевна, ORCID ID 0009-0002-6337-9356
Крылова Екатерина Александровна, ORCID ID 0000-0002-4917-6862
Хлесткина Елена Константиновна, ORCID ID 0000-0002-8470-8254

DOI: 10.48612/altuhov/2026_02-20

Анализ генетического разнообразия и популяционной структуры лиственницы сибирской (*Larix sibirica* Ledeb.) с использованием SNP-маркеров с разным типом наследования и функциональной ролью

Новикова С.В.[1,2], Орешкова Н.В.[1,2,3], Шаров В.В.[1,2], Крутовский К.В.[2,4,5,6]*

[1]Федеральный исследовательский центр «Красноярский научный центр СО РАН», Красноярск, Россия

[2]Сибирский федеральный университет, Красноярск, Россия

[3]Институт леса им. В. Н. Сукачева ФИЦ КНЦ СО РАН, Красноярск, Россия

[4]Гёттингенский университет им. Георга-Августа, Гёттинген, Германия

[5]Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова РАН, Москва, Россия

[6]Воронежский государственный лесотехнический университет им. Г.Ф. Морозова, Воронеж, Россия

** e-mail: kkrutovsky@gmail.com*

Analysis of genetic diversity and population structure of Siberian larch (*Larix sibirica* Ledeb.) using SNP markers with different types of inheritance and functional role

Novikova S.V.[1,2], Oreshkova N.V.[1,2,3], Sharov V.V.[1,2], Krutovsky K.V.[2,4,5,6]*

[1]*Federal Research Center, Krasnoyarsk Science Center of the Siberian Branch of Russian Academy of Sciences, Krasnoyarsk, Russia*

[2]*Siberian Federal University, Krasnoyarsk, Russia*

[3]*V.N. Sukachev Institute of Forest, Siberian Branch of Russian Academy of Sciences, Krasnoyarsk, Russia*

[4]*Georg-August University of Göttingen, Göttingen, Germany*

[5]*Vavilov Institute of General Genetics, Russian Academy of Sciences, Moscow, Russia*

[6]*G.F. Morozov Voronezh State University of Forestry and Technologies, Voronezh, Russia*

** e-mail: kkrutovsky@gmail.com*

Резюме. В работе впервые проведён комплексный сравнительный анализ генетической структуры 20 популяций лиственницы сибирской (*Larix sibirica* Ledeb.) из различных регионов России на основе ядерных, митохондриальных SNP-маркеров и SNP-аутлайеров, полученных методом ddRADseq. Сравнение маркеров с различными типами наследования и эволюционной динамикой позволяет оценить вклад генетического дрейфа, миграции, изоляции и отбора в формирование генетического разнообразия и адаптации популяций. Полученные результаты расширяют понимание генетических механизмов адаптации лиственницы и создают основу для дальнейших ассоциативных и эволюционно-генетических исследований.

Ключевые слова: лиственница сибирская, генетическое разнообразие, секвенирование, генотипирование полногеномных данных.

Abstract. This study presents the first comprehensive analysis of the genetic structure of 20 Siberian larch (*Larix sibirica* Ledeb.) populations from various regions of Russia, based on nuclear and mitochondrial SNP markers and SNP outliers identified using the ddRADseq method. Comparing markers with different modes of inheritance and evolutionary dynamics makes it possible to assess the contributions of genetic drift, migration, isolation, and selection to the formation of genetic diversity and population adaptation. The results enhance our understanding of the genetic mechanisms underlying larch adaptation and provide a foundation for future association and evolutionary-genetic studies.

Keywords: Siberian larch, genetic diversity, sequencing, whole-genome genotyping.

Изучение генетической структуры популяций хвойных видов является фундаментальной задачей популяционной генетики, позволяющей реконструировать эволюционную историю видов, оценивать уровни потоков генов и выявлять адаптивные процессы. Для решения этих задач широко используются маркеры с разным типом наследования, функциональной ролью и скоростью эволюции. Наиболее информативным подходом для изучения генетического разнообразия хвойных растений и генетических основ их адаптации к средовым стрессорам является полногеномное секвенирование. Однако для таких гигантских геномов как у хвойных это недопустимо дорого и используются подходы частичного секвенирования генома, такие как секвенирование ДНК, ассоциированной с сайтами рестрикции (restriction-site associated DNA sequencing - RADseq), которые позволяют одновременно анализировать десятки и сотни тысяч локусов, распределенных относительно равномерно по всему геному, и определять генотипы образцов по каждому из них [1-3].

Анализ SNP позволяет решать множество генетических задач, связанных с изучением генетических механизмов наследования разных признаков, ассоциативными исследованиями, картированием генов и др. При этом использование SNP с разным типом наследования и функциональной ролью позволяет вычленить разные факторы, влияющие на их изменчивость. В частности, ядерные аутосомные SNP в некодирующих районах находятся главным образом под влиянием генетического дрейфа, изоляции и миграции, тогда как SNP в кодирующих районах, особенно несинонимичные однонуклеотидные замены, могут влиять на функцию продуктов этих генов и соответственно находится под влиянием отбора. Их изменчивость может ассоциироваться с изменчивость соответствующих признаков или средовых факторов. Кроме того, митохондриальная ДНК, наследующаяся у большинства организмов, включая хвойных, по материнской линии и распространяющаяся только с семенами, имеет в четыре раза меньший эффективный размер популяции и у неё практически отсутствует гомологичная рекомбинациия, что приводит к значительно более низкой изменчивости, а в клетке обычно присутствует один митохондриальный гаплотип (гомоплазмия), суммарно отражающий влияние разных факторов – генетического дрейфа и отбора. Таким образом, митохондриальная ДНК больше подвержена влиянию генетического дрейфа и изоляции, чем ядерная ДНК. Аналогичная ситауция с гаплоидной хлоропластной ДНК, но она наследуется у хвойных строго по отцовской линии и распространяется с пыльцой, которая может разлетаться на очень большие расстояния, и, таким образом, меньше зависит от изоляции. Сравнительный анализ всех этих разных типов маркеров даёт возможность разделить эффекты разных эволюционых факторов, таких как генетический дрейф, миграция, изоляция и отбор и вычленить их влияние на генетическую структуру популяций и их адаптацию.

В нашем исследовании мы впервые представляем результаты комплексного анализа генетического разнообразия на основе разных наборов SNP – ядерных, митохондриальных и т.н. маркёров-аутлайеров, чья изменчивость и дифференция не может быть объяснена только селективно-нейтральными процессами, такими как генетический дрейф, прогенотипированных в 20 популяциях лиственницы сибирской (*Larix sibirica* Ledeb.), охватывающих 7 регионов России: Красноярский край, Свердловская область, Республики Хакасия, Алтай, Тыва и Башкортостан, Ямало-Ненецкий автономный округ. Суммарно было секвенировано и прогенотипировано 464 дерева из 37 выборок, принадлежащих 20 популяциям.

Секвенирование ddRADseq библиотек выполняли на высокопроизводительной платформе NovaSeq 6000 (Illumina, Сан-Диего, США). Нуклеотидные прочтения каждого образца выравнивали с помощью программы Bowtie2 версии 2.3 на референсные геномы *L. sibirica*: хлоропластный, митохондриальный, и ядерный. Поиск локусов, содержащих однонуклеотидные полиморфные позиции осуществлялся с использованием программ Ustacks и Populations ПО Stacks. Генетическая композиция индивидуальных деревьев и их принадлежность к наиболее вероятным кластерам были изучены при помощи программы Admixture на основе трех наборов SNP-маркеров и представлена на рисунке.

Полученные результаты, обсуждаются в контексте влияния разных типов SNP на популяционно-генетическую структуру лиственницы и их использования в ассоциативных исследованиями и изучении генетического контроля сложных адаптивных признаков.

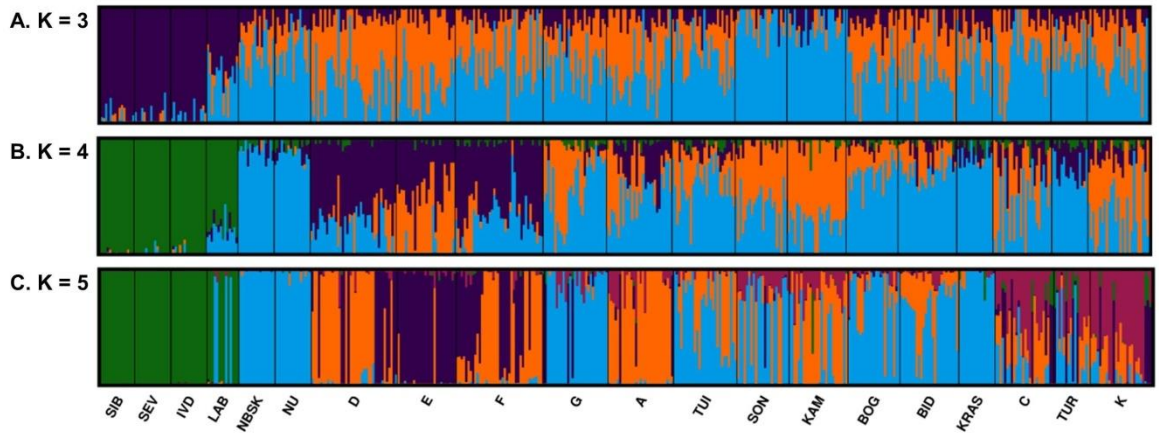


Рисунок – Генетическая композиция индивидуальных деревья по SNP ядерного происхождения (**A**), SNP-аутлайерам (**B**) и SNP митохондриального происхождения (**C**).

Исследование выполнено при частичном финансировании Министерства науки и высшего образования Российской Федерации по проекту FWES-2025-0015.

Список литературы

1. Новикова С.В., Орешкова Н.В., Шаров В.В., Семериков В.Л., Крутовский К.В. Генетическая структура и географическая дифференциация популяций лиственницы сибирской (*Larix sibirica* Ledeb.) на основе полногеномного генотипирования // Сибирский экологический журнал. 2023. Т.16. №5. С. 675-691. https://doi.org/10.15372/SEJ20230509
2. Novikova S.V., Oreshkova N.V., Sharov V.V., Zhirnova D.F., Belokopytova L.V., Babushkina E.A., Krutovsky K.V. Study of the genetic mechanisms of adaptation of Siberian larch (*Larix sibirica* Ledeb.) to the climatic stresses based on dendrogenomic analysis // Forests. 2023. V. 14. No. 12. Article ID 2358. https://doi.org/10.3390/f14122358
3. Novikova S.V., Oreshkova N.V., Sharov V.V., Krutovsky K.V. Genomic Offset Reveals Siberian Larch (*Larix sibirica* L.) Populations Potentially Vulnerable to Future Climate // Forests. 2026. V. 17. No. 6. Article ID 696. https://doi.org/10.3390/f17060696

Информация об авторах:
Новикова Серафима Валерьевна, ORCID ID 0000-0001-5160-8970
Орешкова Наталья Викторовна, ORCID ID 0000-0003-1435-5083
Шаров Вадим Витальевич, ORCID ID 0000-0003-4926-291X
Крутовский Константин Валерьевич, ORCID ID 0000-0002-8819-7084

DOI: 10.48612/altuhov/2026_02-21

Изучение адаптивного потенциал дуба черешчатого (*Quercus robur* L.) в Центральной лесостепи России с использованием подходов дендрогеномики

Орешкова Н.В.[1,2,3], Новикова С.В.[1,2], Шаров В.В.[1,2], Литовченко Д.А.[4], Матвеев С.М.[4], Попова А.А.[4], Крутовский К.В.[2,4,5,6]*

[1]Федеральный исследовательский центр «Красноярский научный центр СО РАН», Красноярск, Россия

[2]Сибирский федеральный университет, Красноярск, Россия

[3]Институт леса им. В. Н. Сукачева ФИЦ КНЦ СО РАН, Красноярск, Россия

[4]Воронежский государственный лесотехнический университет им. Г.Ф. Морозова, Воронеж, Россия

[5]Гёттингенский университет им. Георга-Августа, Гёттинген, Германия

[6]Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова РАН, Москва, Россия

** e-mail: kkrutovsky@gmail.com*

Study of the adaptive potential of pedunculate oak (*Quercus robur* L.) in the Central forest-steppe of Russia using dendrogenomics approaches

Oreshkova N.V.[1,2,3], Novikova S.V.[1,2], Sharov V.V.[1,2], Litovchenko D.A.[4], Matveev S.M.[4], Popova A.A.[4], Krutovsky K.V.[2,4,5,6]*

[1]*Federal Research Center, Krasnoyarsk Science Center of the Siberian Branch of the Russian Academy of Sciences, Krasnoyarsk, Russia*

[2]*Siberian Federal University, Krasnoyarsk, Russia*

[3]*V.N. Sukachev Institute of Forest, Siberian Branch of Russian Academy of Sciences, Krasnoyarsk, Russia*

[4]*G.F. Morozov Voronezh State University of Forestry and Technologies, Voronezh, Russia*

[5]*Georg-August University of Göttingen, Göttingen, Germany*

[6]*Vavilov Institute of General Genetics, Russian Academy of Sciences, Moscow, Russia*

** e-mail: kkrutovsky@gmail.com*

Резюме. В работе впервые исследованы природные популяции и географические культуры дуба черешчатого в лесостепной зоне Воронежской области на основе почти 21 000 однонуклеотидых полиморфных генетические маркёров (SNPs) генотипированных с помощью полногеномного ddRAD-секвенирования. Изучена ассоциация их изменчивости с изменчивостью важных адаптивных дендрофенотипов, оцененных с помощью дендрохронологического анализа. Полученные результаты создают основу для разработки научно обоснованных мер и программ устойчивого лесовосстановления данного региона.
Ключевые слова: дуб черешчатый, генетическое разнообразие, ddRAD секвенирование, полногеномное генотипирование, SNPs

Abstract. This study presents the first analysis of natural populations and provenance trials of *Quercus robur* L. in the forest-steppe zone of the Voronezh region using about 21,000 genome-wide single-nucleotide polymorphism (SNP) markers genotyped via ddRAD sequencing. The study examined associations between genetic variation and key adaptive dendrophenotypes, which were assessed through dendrochronological analyses. The findings provide a foundation for developing science-based measures and programs for sustainable reforestation in the region.
Keywords: Pedunculate oak, genetic diversity, ddRAD sequencing, genome-wide genotyping, SNPs

Дуб черешчатый (*Quercus robur* L.), формирующий основу биоразнообразия широколиственных лесов Центрально-Лесостепного региона Европейской части России, сталкивается с беспрецедентными климатическими вызовами на южной границе своего ареала в Воронежской, Белгородской и Курской областях. В настоящее время состояние дубрав характеризуется массовым усыханием насаждений из-за учащающихся волн экстремальной засухи, роста температур и нарушения гидрологического режима почв. Для обеспечения устойчивости лесов без рисков интродукции вредителей необходим переход от деградирующих порослевых древостоев к интенсивному хозяйству на основе элитного отечественного семенного материала. В нашем исследовании предлагается принципиально новый подход дендрогеномики, объединяющий анализ ширины годичных колец с полногеномным скринингом для выявления генов-кандидатов стрессоустойчивости [1]. Новые данные о структуре дендрофенотипов позволят расширить представления о популяционно-генетической структуре дуба черешчатого и механизмах ее формирования в Центральной лесостепи России.

Для исследования были взяты две природные популяции дуба черешчатого из Воронежской области и шесть выборок из географических культур (район «Шипов лес»)

разного происхождения. Для каждого дерева были получены керны древесины для дендрохронологического анализа и выделена ДНК для полногеномного генотипирования методом ddRAD-секвенирования. Парноконцевое секвенирование ddRADseq библиотек осуществлялось на платформе Illumina NovaSeq X с 2 × 150 циклами.

Выравнивание нуклеотидных прочтений проводили на референсный геном *Quercus robur* dhQueRobu3.1 (NCBI RefSeq PRJNA872134 assembly GCF_932294415.1) с помощью ПО bowtie2 (v2.5.3). Суммарно, из 8 исследованных выборок были отобраны для анализа 150 образцов. После нескольких этапов фильтрации для дальнейшего анализа было отобрано ~21 000 однонуклеотидных полиморфных маркёров (single nucleotide polymorphisms - SNPs).

Популяционно-генетические исследования показали, что средняя наблюдаемая гетерозиготность (H_o = 0,273) была относительно высокая и варьировала незначительно между популяциями. Коэффициент инбридинга по значениям индекса фиксации F_{IS} во всех исследованных выборках дуба оказался сравнительно невысоким (среднее F_{IS} = 0,143), максимальный в дагестанском климатипе (F_{IS} = 0,163), а минимальный у климатипа из Курской области.

Структура популяции и степень генетической примеси («admixture») в индивидуальных деревьях была изучена с помощью алгоритма Admixture. Метод Δ*K* показал, что наиболее вероятными значениями являются K равные 2, 4 и 10 (Рисунок 1).

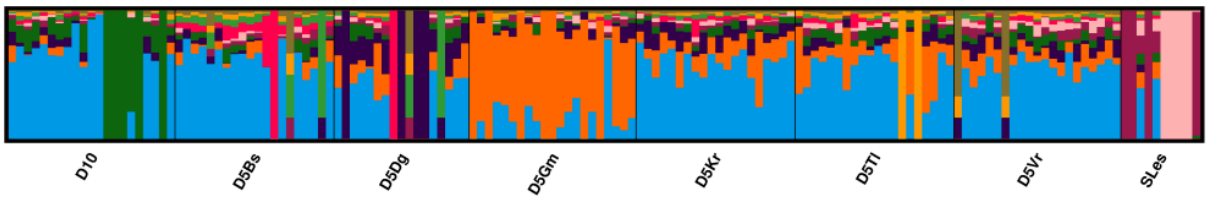


Рисунок 1 – Генетическая композиция индивидуальных деревьев по результатам анализа ADMIXTURE для *K* = 10 на основе ~21 000. SNPs. D10 и Sles - выборки из природных популяций, D5Bs, D5Dg, D5Gm, D5Kr, D5Tl и D5Vr –из географических культур.

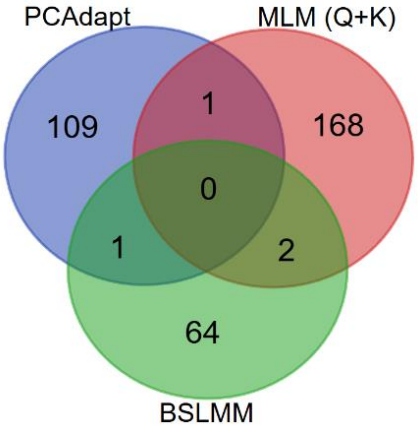


Рисунок 2 – Диаграмма Венна, демонстрирующая число SNPs, чья изменчивость достоверно коррелировала с изменчивость хотя бы одного из 27 дендрофенотипов, обнаруженных с использованием методов BSLMM и MLM, а также SNP-аутлайеры, найденные с помощью PCAdapt.

Четкой иерархической структуры не наблюдается. При детализации генетической структуры до уровня *K* = 10 картина распределения генотипов приобретает наиболее высокую разрешающую способность. На этом уровне хорошо выделяется выборка из природной популяции Шипова леса (Sles), которая демонстрирует ярко выраженную бимодальность внутри пробной площади. Выборка из географической культуры Дагестана (Д5Дг) выглядит наиболее хаотично, представляя собой мозаику без доминирующего большинства, что говорит о генетической неоднородности материнской популяции, которая была взята из районов с высоким уровнем интрогрессии. В отличие от дагестанской выборки, гомельский климатип (Д5Гм) демонстрирует экстремальную однородность. Теллермановская выборка (климатип Д5Тл) занимает промежуточное положение между гомогенностью Гомеля и мозаичностью Дагестана. Некоторые профили очень похожи на профили деревьев из природной популяции Шипова леса

и других центрально-черноземных насаждений (Д5Кр, Д5Вр). Это скорее всего отражает локальные особенности, исторически присущие дубам из Центральной лесостепи.

На основании собранных древесных кернов индивидуальных деревьев, стандартными дендрохронологическими методами были получены 27 дендрофенотипов, включая среднюю ширину годичного кольца (TRW), дисперсию ширины годичного кольца (varTRW), радиальные тенденции роста (trend) и показатели реакции дуба на периоды засухи в 1891, 1939, 1972, 1992, 2010, 2014 гг.: индексы сопротивления (Rt) , восстановления (Rc), устойчивости(Rs) и относительной устойчивости (RRs). Изучена связь дендрофенотипов с уровнем индивидуальной гетерозиготности деревьев. Обнаружены ассоциации изменчивости SNP-маркеров с изменчивостью адаптивных дендрофенотипов. С помощью смешанных линейных моделей (MLM) и Байесовской линейной смешанной модели (BSLMM) выявлено 171 и 67 SNP-маркеров чья изменчивость коррелировала с изменчивостью одного или нескольких из шести или семи дендрофенотипов соответственно, включая два SNP-аутлайера обнаруженных с помощью PCAdapt, находящихся под действие дивергентного отбора; 30 SNP оказались ассоциированны с изменчивости сразу нескольких дендрофенотипов и разных периодов засухи (Рисунок 2). Аннотация полученных SNP-маркеров показала, что большая часть находится в кодирующих частях генома или вблизи них.

Исследование выполнено за счет гранта РНФ № 24-16-20047, https://rscf.ru/project/24-16-20047.

Список литературы

1. Крутовский К. В. Дендрогеномика – новая междисциплинарная область исследований адаптивного генетического потенциала лесных древесных популяций, интегрирующая дендрохронологию, дендроэкологию, дендроклиматологию и геномику // Генетика. 2022. Т. 58. № 11. С. 1225–1239. https://doi.org/10.31857/S0016675822110054

Информация об авторах:
Орешкова Наталья Викторовна, ORCID ID 0000-0003-1435-5083
Новикова Серафима Валерьевна, ORCID ID 0000-0001-5160-8970
Шаров Вадим Витальевич, ORCID ID 0000-0003-4926-291X
Литовченко Дарья Андреевна, ORCID ID 0000-0003-2973-7447
Матвеев Сергей Михайлович, ORCID ID 0000-0001-8532-1484
Попова Анна Александровна, ORCID ID 0000-0003-4711-5377
Крутовский Константин Валерьевич, ORCID ID 0000-0002-8819-7084

DOI: 10.48612/altuhov/2026_02-22

Генетическая структура и адаптивная генетическая изменчивость популяций сосны обыкновенной (*Pinus sylvestris* L.) в Воронежской области и их уязвимость к будущим климатическим условиям на основе полногеномного генотипирования и данных дендрохронологического и климатического анализа

Орешкова Н.В.[1,2,3], Новикова С.В.[1,2], Шаров В.В.[1,2], Попова А.А.[4], Матвеев С.М.[4], Крутовский К.В.[2,4,5,6]*

[1]*Федеральный исследовательский центр «Красноярский научный центр СО РАН», Красноярск, Россия*

[2]*Сибирский федеральный университет, Красноярск, Россия*

[3]*Институт леса им. В.Н. Сукачева ФИЦ КНЦ СО РАН, Красноярск, Россия*

[4]*Воронежский государственный лесотехнический университет им. Г.Ф. Морозова, Воронеж, Россия*

[5]*Гёттингенский университет им. Георга-Августа, Гёттинген, Германия*

[6]*Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова РАН, Москва, Россия*

** e-mail: kkrutovsky@gmail.com*

Genetic structure and adaptive genetic variation of Scots pine (*Pinus sylvestris* L.) populations in the Voronezh Region and their vulnerability to future climatic conditions based on whole-genome genotyping and dendrochronological and climatic data

Oreshkova N.V.[1,2,3], Novikova S.V.[1,2], Sharov V.V.[1,2], Popova A.A.[4], Matveev S.M.[4], Krutovsky K.V.[2,4,5,6]*

[1]*Federal Research Center, Krasnoyarsk Science Center of the Siberian Branch of the Russian Academy of Sciences, Krasnoyarsk, Russia;*

[2]*Siberian Federal University, Krasnoyarsk, Russia*

[3]*V.N. Sukachev Institute of Forest, Siberian Branch of Russian Academy of Sciences, Krasnoyarsk, Russia*

[4]*G.F. Morozov Voronezh State University of Forestry and Technologies, Voronezh, Russia*

[5]*Georg-August University of Göttingen, Göttingen, Germany*

[6]*Vavilov Institute of General Genetics, Russian Academy of Sciences, Moscow, Russia*

** e-mail: kkrutovsky@gmail.com*

Резюме. В работе впервые исследованы природные популяции и географические культуры сосны обыкновенной в лесостепной зоне Воронежской области на основе более 42 тысяч полногеномных однонуклеотидых полиморфных генетические маркёров (SNPs – т.н. «снипов») генотипированных с помощью полногеномного ddRAD-секвенирования. Изучена ассоциация их изменчивости с изменчивостью важных адаптивных дендрофенотипов и биоклиматических переменных, оцененных с помощью дендрохронологического и климатологического анализа. На основе обнаруженных ассоциаций и геномного смещения (genome offset) сделаны прогнозы об уязвимости изученных популяций к будущим климатическим условиям. Полученные результаты создают основу для разработки научно обоснованных мер и программ устойчивого лесовосстановления данного региона.

Ключевые слова: сосна обыкновенная, генетическое разнообразие, секвенирование, генотипирование полногеномных данных

Abstract. This study presents the first analysis of natural populations and provenance trials of Scots pine in the forest-steppe zone of the Voronezh region using more than 42,000 genome-wide single-nucleotide polymorphism (SNP) markers genotyped via ddRAD sequencing. The

study examined associations between genetic variation and key adaptive dendrophenotypes and bioclimatic variables, which were assessed through dendrochronological and climatological analyses. Based on the identified associations and genome offset, predictions were made regarding the vulnerability of the studied populations to future climatic conditions. The findings provide a foundation for developing science-based measures and programs for sustainable reforestation in the region.
Keywords: Scots pine, genetic diversity, sequencing, whole-genome genotyping

Проблема генетической адаптации лесов в условиях изменения климата приобретает чрезвычайную актуальность. Особую важность в этом контексте имеет глобальная роль таких ключевых древесных растений, как сосна обыкновенная (*Pinus sylvestris* L.) – одна из основных лесообразующих пород, имеющей огромное экологическое и экономическое значение в лесостепной зоне Европейской России [1]. Изучение генетических ресурсов и адаптационных признаков сосны обыкновенной становится критически важным для развития устойчивого лесоуправления, селекции и мер по сохранению видов. Предлагаемое нами оригинальное комплексное исследование с применением методов геномики, дендрохронологии и климатологии позволяет получить уникальные данные об адаптационном потенциале вида, что необходимо для разработки стратегий защиты лесов и прогнозирования их развития.

Для исследования были взяты 4 природные популяции сосны обыкновенной из Воронежской области и 6 выборок из географических культур (Ступинское поле) разного происхождения. Для каждого дерева были получены керны древесины для дендрохронологического анализа и выделена ДНК для полногеномного генотипирования методом ddRAD-секвенирования. Парноконцевое секвенирование ddRADseq библиотек осуществлялось на платформе Illumina NovaSeq X с 2 × 150 циклами. Выравнивание нуклеотидных прочтений проводили на сборку *Pinus sylvestris* (предоставленную [2]) с помощью ПО bowtie2 (v2.5.3). Суммарно, из 10 исследованных выборок были отобраны для анализа 216 образцов, для которых было получено 17 747 114 локусов. После нескольких этапов фильтрации для дальнейшего анализа было отобрано 42921 однонуклеотидных полиморфных маркёров (single nucleotide polymorphisms - «снипов»).

Популяционно-генетические исследования показали, что средняя наблюдаемая гетерозиготность (H_o = 0,271) была относительно высокая и варьировала незначительно между популяциями. Индекс фиксации F_{IS} для всех сосновых выборок оказался положительным, с минимальным значением 0,029 в выборке из географической культуры «Калач» (С6Кл) и максимальным 0,070 в выборке из природной популяции Воронежской области С2. Общая генетическая дифференциация по всем образцам составила F_{ST} = 0,005.

Анализ главных компонент (PCA) с использованием пакета R ade4 (Рисунок, А) показал, что выборки не образуют ярко выраженных однозначных кластеров. Анализ генетической структуры с помощью ADMIXTURE также не выявил дискретной дифференциации между исследованными популяциями сосны (Рисунок, В) и подтвердил данные PCA-анализа. Для любого числа кластеров (K) наблюдался практически равный вклад каждого из протестированных кластеров в генетическую композицию индивидуальных деревьев. На рисунке (В) представлены данные для 4-х наиболее вероятных кластеров. Данная картина типична для видов с высокой степенью генетического обмена генов и соответствует биологическим особенностям сосны обыкновенной - ветроопыляемого, долгоживущего дерева с обширным ареалом и эффективным распространением пыльцы на большие расстояния.

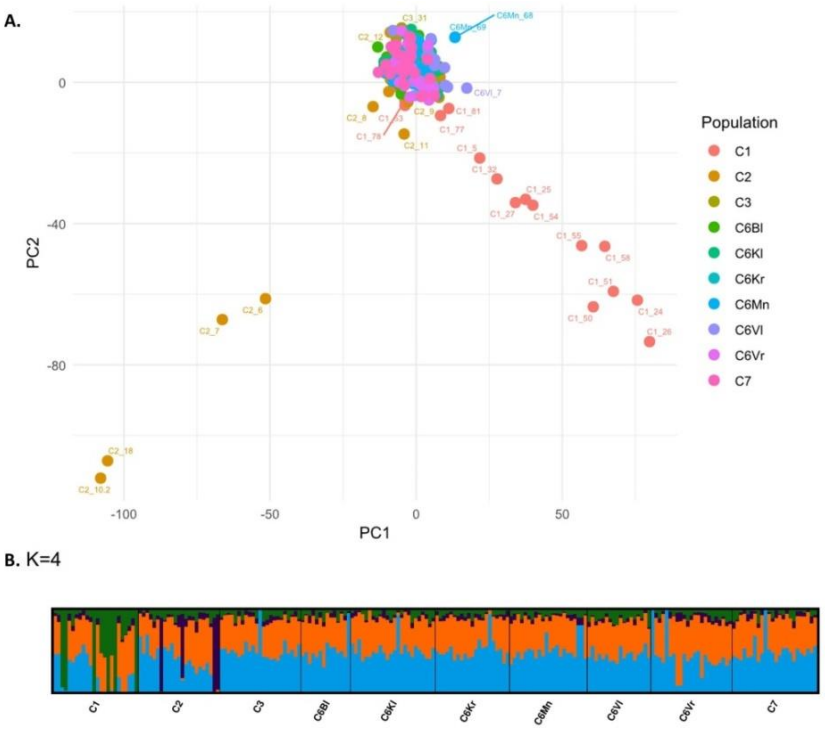


Рисунок – Кластеризация изученных выборок сосны обыкновенной в пространстве первых двух главных компонент PC1 и PC2 (**A**) и генетическая композиция индивидуальных деревьев по результатам анализа ADMIXTURE на основе 42921 SNPs. C6Bl, C6Kl, C6Kr, C6Mn, C6Vl, C6Vr – выборки из географических культур; C1, C2, C3, C7 - из природных популяций.

Обнаружены ассоциации изменчивости некоторых SNP-маркеров с изменчивостью важных адаптивных дендрофенотипов и биоклиматических переменных. Используя подходы по изучению геномного смещения [3], сделаны прогнозы об уязвимости изученных популяций к будущим климатическим условиям. Полученные данные заложили основу для разработки научно обоснованных мер и программ устойчивого лесовосстановления сосны обыкновенной в данном регионе.

Исследование выполнено за счет гранта Российского научного фонда № 24-16-20047, https://rscf.ru/project/24-16-20047/

Список литературы

1. *Matveev S.M., Chendev Yu.G., Lupo A.R., Hubbart J.A., Timashchuk D.A.* Climatic Changes in the East-European Forest-Steppe and Effects on Scots Pine Productivity // Pure and Applied Geophysics. 2017. V. 174. P. 427–443. https://doi.org/10.1007/s00024-016-1420-y
2. *Nilsson O., Kalman T.A., Delhomme N. et al.* 1000 conifer genomes: Genome innovation, organisation and diversity // PREPRINT at Research Square. 2025. https://doi.org/10.21203/rs.3.rs-6502828/v1
3. *Novikova S.V., Oreshkova N.V., Sharov V.V., Krutovsky K.V.* Genomic offset reveals Siberian larch (*Larix sibirica* L.) populations potentially vulnerable to future climate // Forests. 2026. V. 17(6). Article ID 696. https://doi.org/10.3390/f17060696

Информация об авторах:
Орешкова Наталья Викторовна, ORCID ID 0000-0003-1435-5083
Новикова Серафима Валерьевна, ORCID ID 0000-0001-5160-8970
Шаров Вадим Витальевич, ORCID ID 0000-0003-4926-291X
Попова Анна Александровна, ORCID ID 0000-0003-4711-5377
Матвеев Сергей Михайлович, ORCID ID 0000-0001-8532-1484
Крутовский Константин Валерьевич, ORCID ID 0000-0002-8819-7084

DOI: 10.48612/altuhov/2026_02-23

Формирование устойчивости древостоев лесообразующих видов Беларуси: популяционно-генетические аспекты

Падутов В.Е.[1]*, Каган Д.И.[1], Ивановская С.И.[1], Маркевич Т.С.[1], Падутов А.Е.[2]
[1]Институт леса НАН Беларуси, г. Гомель, Республика Беларусь
[2]Гомельский государственный университет, г. Гомель, Республика Беларусь
**e-mail: forestgen@mail.ru*

Formation of stand resistance of forest-forming species in Belarus: population genetic aspects

Padutov V.E.[1]*, Kagan D.I.[1], Ivanovskaya S.I.[1], Markevich T.S.[1], Padutov A.E.[2]
[1]The Institute of Forest of National Academy of Sciences of Belarus, Gomel, the Republic of Belarus
[2]Gomel State University, Gomel, the Republic of Belarus
**e-mail: forestgen@mail.ru*

Резюме. В статье рассмотрены вопросы адаптации популяционно-генетической структуры лесообразующих видов к изменению условий окружающей среды.
Ключевые слова: популяционная структура, лесообразующие виды, ядерная ДНК, цитоплазматическая ДНК

Abstract. Adaptation of the population genetic structure of forest-forming species to environmental conditions changing is described in the article.
Keywords: population structure, forest-forming species, nuclear DNA, cytoplasmic DNA

В последнее время все большее значение приобретает проблема сохранения биологического разнообразия, поскольку воздействие комплекса факторов радикально изменяет естественную среду обитания видов. Решение этой проблемы заключается в охране и воспроизводстве популяций с уровнем генетической изменчивости, достаточным для адаптации к стрессам окружающей среды. Особую актуальность имеет разработка стратегии сохранения генетического разнообразия хозяйственно-ценных лесных древесных видов, так как леса относятся к числу важнейших самовозобновляющихся природных ресурсов. Необходимо добавить, что древесные породы представляют собой виды-доминанты лесных ценозов, от состояния которых зависит и состояние всей лесной экосистемы.

Вопросы, связанные с трансформацией структуры, состояния и продуктивности лесов, требует принятия решений, обеспечивающих формирование устойчивых насаждений с учетом биологических особенностей видов и их адаптированности к неблагоприятным факторам среды. Среди различных типов адаптаций выделяют два основных: пассивную (формирование определённой степени устойчивости к стрессовому фактору) и активную (направлена на смену популяционной стратегии, расширение ареала на новые территории при возникновении благоприятных комбинаций условий обитания). Особое значение вопросы адаптации имеют для растительных организмов, поскольку они иммобильны и не могут в отличие от животных покинуть опасную территорию. Адаптация может происходить на разных уровнях: внутриклеточном, тканевом, популяционном и т.д. Одним из наиболее важных для лесного хозяйства является изучение механизмов адаптации на популяционном уровне.

Вид приспосабливается к постоянно изменяющимся условиям не просто как простая сумма особей, а в форме своеобразных группировок, представляющих единое функциональное целое. Они могут состоять из сходных или различающихся на морфологическом, биохимическом и других уровнях фенотипов. Именно степень приспособленности вида к тем или иным условиям произрастания отражает его изменчивость. Чем выше генетический потенциал, тем более сильное воздействие стрессовых ситуаций может выдержать популяция, и тем более разнообразные местообитания она может заселять.

Воздействие различных факторов на формирование популяционной структуры достаточно хорошо выявляется при анализе генов, которые участвуют в биохимических процессах клетки и находятся под воздействием естественного отбора. Это влияние проявляется в основном в изменении частоты встречаемости аллельных вариантов. Анализ сосняков показал, что в различных типах леса складывается своеобразная генетическая структура. При этом кластеризация генетических данных коррелирует с эдафо-фитоценотическими рядами типов леса в регионе проводимых исследований. Подобная ситуация отмечается и для других лесообразующих видов. Так, при анализе дубрав (в каждом районе исследования отбиралась пара близкорасположенных суходольной и пойменной дубрав) при кластеризации генетических данных группировка происходила не по географической близости (по бассейнам рек), а по экологической – образовались две группы (суходольная и пойменная).

Если условия окружающей среды не изменяются во времени, то и в ряду поколений (у подроста) воспроизводятся характерные для материнского древостоя популяционная структура и уровень генетической изменчивости. В случае изменений значений факторов среды – начинает меняться и генетическая структура древостоя за счет усыхания деревьев с малоадаптивными вариантами генов. Данный процесс хорошо наблюдается в географических лесных культурах, у которых к 40 годам складывается генетическая структура сходная между климатипами и отличающаяся от материнского древостоя.

Корреляция между генетической структурой и типом леса образуется не только за счет пассивного типа адаптации (постепенной подстройки генетической структуры по отношению к комбинациям факторов окружающей среды), но и путем активной адаптации (за счет расселения в подходящие для популяций места обитания). В Беларуси выявлено пять основных метапопуляций дуба черешчатого, каждая из которых характеризовалась специфическим гаплотипом хлоропластной ДНК. Одним из главных факторов, определяющих географическое распространение метапопуляций по территории страны, является климатический. Их пространственное распределение представляет собой последовательный ряд, коррелирующий со значениями показателя континентальности климата – от более умеренного до более выраженного континентального климата. Еще одним фактором, влияющим на распространение метапопуляций дуба, являются условия мест произрастания. Нами была определена фактическая встречаемость гаплотипов (маркеров метапопуляций) в различных типах леса, и, кроме того, было рассчитано теоретически ожидаемое распределение гаплотипов. В ряде случаев фактически наблюдаемые и теоретически ожидаемые значения отличаются в несколько раз. При этом, для тех пар гаплотипов, которые распространены в одном и том же географическом регионе, эти различия разнонаправлены (в Витебском ГПЛХО 75% снытевых дубрав представлены деревьями «северной» метапопуляции, а 75% кисличных дубрав –

«центрально-белорусской»). Следовательно, метапопуляции сосуществуют на одной территории, расходясь по отдельным экологическим нишам.

Кроме абиотических и биотических факторов, имеющих основополагающее влияние на популяционные процессы, модифицирующее воздействие на них оказывает и антропогенное вмешательство. Следует также отметить, что уровень генетической изменчивости (адаптационный потенциал) в насаждениях тем выше, чем меньше осуществляется антропогенное вмешательство: «эксплуатационные леса» < «лесные генетические резерваты и плюсовые лесные насаждения» < «заповедники».

Выявление уровня генетической изменчивости лесообразующих видов является этапом фундаментальных исследований. Однако для того, чтобы была возможность перевести фундаментальные знания в практическую плоскость лесоводства, необходимо учитывать, что существуют региональные особенности и есть определенные факторы, которые необходимо оценивать при проведении лесовосстановления. Во-первых, происхождение особей с позиции филогеографии и геногеографии, то есть следует уточнять, к какой метапопуляции относятся древостои, в которых проводятся лесокультурные работы; во-вторых, какими лесотипологическими условиями отличаются эти древостои, поскольку изменения условий среды проявляются в формировании специфической генотипической структуры древостоя; в-третьих, насколько велико в данном местообитании антропогенное воздействие, которое приводит к сужению генетического и генотипического разнообразия.

Последний, заключительный этап практической работы, ориентирован на промышленное производство селекционного посадочного материала и связан с созданием лесосеменной базы, то есть представляет собой этап селекционного семеноводства. Следует отметить два основных момента. Первый связан с тем, что при отборе деревьев и создании соответствующих объектов постоянной лесосеменной базы не всегда удается достичь поставленных целей при использовании только фенотипических признаков (на ранних этапах формирования этой базы адекватные методы молекулярной генетики еще не были освоены, а позднее – отсутствовала методологическая база их применения для этих целей). Второй аспект заключается в том, что разработаны математические подходы для оптимизации объектов постоянной лесосеменной базы по различным критериям (в зависимости от целей исследователя) на основе учета генетических данных. Необходимо отметить, что первоначально объекты создавались для реализации задачи по повышению общей продуктивности лесов, а оптимизация проводится для осуществления еще и дополнительной задачи – по сохранению видового генетического разнообразия.

В целом, полученные данные показывают, что в ходе лесовосстановления необходимо учитывать популяционные особенности лесообразующих видов при создании новых насаждений. Это уже осуществимо, однако только на начальных этапах, при получении семенного материала в лесосеменных плантациях с оптимизированной генетической структурой. В то же время некоторые вопросы лесовосстановления и лесоразведения на генетико-типологической основе остаются открытыми.

Информация об авторах:
Падутов Владимир Евгеньевич, ORCID ID 0000-0001-7072-7975
Каган Дмитрий Ильич, ORCID ID 0000-0001-8381-5237
Ивановская Светлана Ивановна, ORCID ID 0009-0006-6122-9476
Маркевич Татьяна Сергеевна, ORCID ID 0000-0002-5191-4756
Падутов Александр Евгеньевич

DOI: 10.48612/altuhov/2026_02-24

Спонтанная полиплоидизация у редкого эндемика *Calophaca wolgarica* (Fabaceae) на юге Восточно-Европейской равнины

Пархоменко А.С.*, Ефименко К.С., Кашин А.С.
Саратовский национальный исследовательский государственный университет им. Н.Г. Чернышевского, Саратов, Россия
**e-mail: parkhomenko_as@mail.ru*

Spontaneous polyploidization in the rare endemic *Calophaca wolgarica* (Fabaceae) in the south of the East European Plain

Parkhomenko A.S.*, Efimenko K.S., Kashin A.S.
Saratov State University, Saratov, Russia
**e-mail: parkhomenko_as@mail.ru*

Резюме. Определено содержание ДНК у редкого палеоэндемика юга Восточно-Европейской равнины *Calophaca wolgarica*. Исследовано 250 образцов из 18 природных популяций. Подавляющее большинство растений диплоидны (2n = 2x = 16, 2C = 2,662 пг). В одной популяции из Волгоградской области обнаружены два триплоидных проростка (2C = 3,942 пг). Спонтанная полиплоидизация, впервые отмеченная у данного вида, свидетельствует о том, что по кариотипическим характеристикам *C. wolgarica* ведет себя как полиморфный вид, правда, только на уровне генеративных диаспор (семян) и полученных из них проростков.
Ключевые слова: Calophaca wolgarica, проточная цитометрия, содержание ДНК, число хромосом, полиплоидизация, эндемик

Abstract. For the first time, the DNA content was determined in the rarest paleoendemic of the south of the East European Plain, *Calophaca wolgarica*. A total of 250 accessions from 18 natural populations were studied. The vast majority of plants are diploid (2n = 2x = 16, 2C = 2.662 pg). In one population from the Volgograd Region, two triploid seedlings (2C = 3.942 pg) were found. Spontaneous polyploidization, observed for the first time in this species, indicates that, according to karyotypic characteristics, *C. wolgarica* behaves as a polymorphic species, although only at the level of generative diaspores (seeds) and the seedlings obtained from them.
Keywords: Calophaca wolgarica, plant flow cytometry, DNA content, chromosome number, polyploidization, endemic

В настоящее время один из приоритетов стратегии сохранения биоразнообразия состоит в выявлении генетического полиморфизма и определяющих его процессов в популяциях редких видов. *Calophaca wolgarica* (L. fil.) DC. – палеоэндемик юга Восточно-Европейской равнины, реликт эпохи миоцена, единственный европейский представитель рода *Calophaca* Fisch., включённый в Красную книгу РФ [1]. Ранее для данного вида выявлена крайне низкая молекулярно-генетическая и морфологическая изменчивость [2].

С использованием проточной цитометрии [3] и прямого подсчёта чисел хромосом изучены плоидность и размер генома у 250 образцов из 18 популяций *C wolgarica* на юге Европейской России. Установлено, что абсолютное большинство образцов являются диплоидами (2n = 2x = 16) со стабильным содержанием ДНК 2C = 2,662 ± 0,034 пг (1Cx = 1,331 пг).

Однако в популяции из окрестностей поселка Октябрьский Октябрьского р-на Волгоградской области наряду с диплоидами обнаружены два триплоидных проростка с 2C = 3,942 пг, что в 1,5 раза выше диплоидного уровня. Это первое указание на

спонтанную полиплоидизацию у *C. wolgarica*. Кроме того, у части семян, собранных в популяции из окр. с. Садовое, Сарпинского р-на Республики Калмыкия, в апикальных меристемах корешков наряду с диплоидными (2n=2x=16) были обнаружены триплоидные клетки (2n=3x=24), т.е. имела место миксоплоидия.

Ранее проведённые филогеномные реконструкции выявили сложную гибридизацию между секциями *Caragana* Lam. и *Calophaca*, совпавшую с аридизацией позднего олигоцена и ростом темпов диверсификации [4]. Предки остальных секций, вероятно, возникли в результате древней гибридизации между этими группами. Обнаруженная у *C. wolgarica* спонтанная полиплоидизация как раз и может указывать на их активное вовлечение в гибридизационные процессы на этой основе в прошлом [4]. При этом в пределах современного ареала *C. wolgarica* демонстрирует абсолютный консерватизм по ядерной и пластидной ДНК, что наряду с морфологической стабильностью и присущей ему узкой экологической нишей объясняет его узколокальный эндемизм и эволюционный застой [2]. Вероятно, его ареал неоднократно менялся под влиянием климатических и трансгрессивно-регрессивных изменений, но генофонд остаётся неизменным на протяжении миллионов лет [2]. Однако по кариотипическим характеристикам на уровне проростков и молодых растений вид проявляет определённый полиморфизм.

Для сохранения вида необходимо изучение выявленных цитотипов (включая триплоидные, миксоплоидные и возможные тетраплоидные формы), механизмов их возникновения и способности к семенному воспроизводству в ряду поколений.

Исследование выполнено за счет гранта Российского научного фонда № 24-24-00305, https://rscf.ru/project/24-24-00305/.

Список литературы

1. Шмараева А.Н., Баранова О.Г. Майкараган волжский – *Calophaca wolgarica* // Красная книга Российской Федерации. Растения и грибы. М., 2024. С. 268–269.
2. Крицкая Т.А., Кондратьева А.О., Кулисева Ю.И., Кашин А.С. Генетический и морфологический консерватизм *Calophaca wolgarica* (Fabaceae) – палеоэндемика юга Восточно-Европейской равнины // Turczaninowia. 2025. Т. 28. № 4. С. 52–67. DOI: 10.14258/turczaninowia.28.4.7
3. Doležel J., Bartoš J. Plant DNA flow cytometry and estimation of nuclear genome size // Annals of Botany. 2005. Vol. 95. P. 99–110. DOI: 10.1093/aob/mci005
4. Cui X., Dong W., He J. et al. Ancient hybridization drives arid adaptation and species diversification in *Caragana* (Fabaceae) // New Phytologist. 2025. Vol. 247. № 5. P. 2454–2472. DOI: 10.1111/nph.70360

Информация об авторах:
Пархоменко Алена Сергеевна, ORCID ID 0000-0002-9948-7298
Ефименко Кристина Сергеевна, ORCID ID 0009-0004-8728-8277
Кашин Александр Степанович, ORCID ID 0000-0002-2342-2172

DOI: 10.48612/altuhov/2026_02-25

Наследование хлоропластного генома у гибридов *Spiraea hypericifolia* × *S. media* (Rosaceae)

Полякова Т.А.*, Шатохина А.В.
Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова РАН, Москва, Россия
**e-mail: polyakova@vigg.ru*

Inheritance of the chloroplast genome in *Spiraea hypericifolia* × *S. media* hybrids (Rosaceae)

Polyakova T.A.*, Shatokhina A.V.
Vavilov Institute of General Genetics Russian Academy of Sciencies, Moscow, Russia
**e-mail: polyakova@vigg.ru*

Резюме. В тувинских популяциях, где были найдены гибридные особи *Spiraea hypericifolia* × *S. media,* в спейсере trnH-psbA общей длиной около 350 пар нуклеотидов обнаружены четыре таксоноспецифические однонуклеотидные замены: трансверсии (G → T) и транзиции (A → G). В изученных популяциях наблюдается двунаправленный поток генов, материнскими растениями преимущественно выступают *S. media*. В популяциях Целинное и Сесерлиг обнаружена хлоропластная гетероплазмия. Предполагается, что вклад генома *S. media* в гибридное потомство выше за счет серии возвратных скрещиваний.
Ключевые слова: Spiraea, *S. hypericifolia* × *S. media*, гибрид, trnH-psbA, однонуклеотидная замена, хлоропластная гетероплазмия

Abstract. In the Tuvinian populations, four taxa‑specific single‑nucleotide polymorphisms were found in the chloroplast trnH‑psbA spacer of the found hybrid individuals of *Spiraea hypericifolia* × *S. media*, with a total length of about 350 base pairs: transversions (G → T) and transitions (A → G). In the Tuvan populations, a bidirectional gene flow is observed, and *S. media* predominantly acts as the maternal plant. Chloroplast heteroplasmy was detected in the Tselinnoe and Seserlig populations. It is assumed that the contribution of the *S. media* genome to the hybrid offspring is higher due to a series of backcrosses.
Keywords: Spiraea, *S. hypericifolia* × *S. media*, hybrid, trnH-psbA, single-nucleotide polymorphisms, chloroplast heteroplasmy

Природные гибриды растений являются ценным источником генетической изменчивости для селекции декоративных устойчивых форм. Для последующей оценки потенциала ценных генотипов для селекции необходимо выявить направление гибридизации.

Гибридные особи *Spiraea hypericifolia* × *S. media* были обнаружены и отобраны нами в природных популяциях Республики Тыва (Тува): Целинное, Тапса, Туран, Сесерлиг (подробнее: [1]). ДНК выделяли из листьев, высушенных в силикагеле, в соответствии со стандартной процедурой для растительных тканей с использованием ЦТАБ. Для амплификации спейсера trnH-psbA использовали праймеры: trnHf_05: cgcgcatggtggattcacaatcc-3', psbA_3F: 5'-gttatgcatgaacgtaatgctc-3' [2]. Секвенирование проводили в ЗАО «Евроген». Последовательности попарно выравнивали в BioEdit v.7.1.9, множественное выравнивание проводили в ClustalW2.

Большинство цветковых растений, в том числе из семейства Rosaceae [3], обладают материнским пластидным наследованием. Анализ хлоропластной ДНК позволяет определить материнский и отцовский вклад и выявить направление гибридизации. Для

оценки родства гибридов *S. hypericifolia* × *S. media* в качестве маркера был отобран пластидный межгенный спейсер trnH-psbA. Отмечается, что успех идентификации растений на основе trnH-psbA был значительно выше в сравнении с другими хлоропластными локусами [4]. Несмотря на то, что спейсер trnH-psbA отличается высокой частотой мутаций и значительной вариабельностью длины, вызванной наличием инделей и повторов [5], он легко секвенируется и высоко информативен в идентификации близкородственных видов [6].

Для видов *S. hypericifolia* и *S. media* в спейсере trnH-psbA общей длиной около 350 пн обнаружены четыре таксоноспецифические однонуклеотидные замены: трансверсии (G → T), и транзиции (A → G) [7]. Для гибридных особей из тувинских популяций Тапса и Туран обнаружены трансверсии, характерные для *S. media.* Это свидетельствует о том, что донором пыльцы для этих особей выступает вид *S. hypericifolia*, а вид *S. media* является материнским растением.

Иное направление скрещивания и латерального потока генов наблюдается в популяциях Целинное и Сесерлиг, где для гибридных особей донорами пыльцы выступают особи *S. media.* Кроме того, в этих популяциях у гибридных особей обнаружено явление гетероплазмии, когда в клетках одного растения одновременно присутствуют несколько различающихся вариантов (генотипов) хлоропластной ДНК. Таким образом, передача цитоплазмы происходила от разных родителей в череде поколений за счет серии возвратных скрещиваний. В популяции Целинное гетероплазмия более выражена и встречается чаще.

Особи *S. media* преимущественно являются материнскими растениями для тувинских гибридов. Это объясняется тем, что отцовский диплоидный ауткроссный вид *S. hypericifolia* производит большое количество пыльцы на хорошо освещенных открытых лесостепных участках. Для другого вида *S. media* часто характерно вегетативное размножение и даже самоопыление [8].

Потенциальными причинами изменения направления скрещивания могут быть изменения в относительной численности особей, доступности опылителей, успешности прорастания пыльцы, всхожести и приживаемости семян гибридов и т.д. Направление скрещивания может также зависеть от клональной структуры, характерной для видов *Spiraea*, и возраста кустов. Старые куртины, размножающиеся вегетативно (корневыми отпрысками), могут чаще выступать в роли материнских растений, в то время как молодой вид, вероятнее всего, будет являться донором пыльцы.

Нами было показано, что в популяции Туран гибридные особи являются преимущественно тетраплоидными, в отличие от других тувинских популяций (Целинное, Тапса) с диплоидными цитотипами [1]. Наблюдаемая тетраплоидия у подавляющего количества особей в популяции может повлиять на успешность оплодотворения и изменение направления скрещивания.

Направление потока генов может зависеть и от экологических условий. В тувинских лесостепях в местах совместного произрастания эти виды занимают разные экологические ниши. *S. hypericifolia*, являясь степным видом, занимает сухие открытые участки, а лесной вид *S. media* произрастает в более защищенных микропонижениях. Мозаичная пространственная разобщенность этих экологически дифференцированных видов может быть более выражена. Это будет создавать как одно-, так и двунаправленный поток пыльцы, зависящий от “розы ветров”, опылителей и других факторов.

Направление гибридизации имеет важное значение для интрогрессии. Гибриды, полученные от одного или другого вида в качестве материнского, могут оказаться фертильными, слабо фертильными или стерильными; в последнем случае гибриды не могут являться участниками возвратных и последующих скрещиваний. Следует учитывать тот факт, что ядерно-цитоплазматические взаимодействия могут сохраняться в течение нескольких поколений при скрещиваниях, а также то, что интрогрессия генов будет чаще происходить у тех гибридов, у которых один из родительских видов является постоянным реципиентом генов. Таким образом, влияние материнского вида на результат гибридизации может быть существенным.

Несомненно, факторы, определяющие репродуктивную роль видов *S. hypericifolia* и *S. media* в гибридных популяциях, не ограничиваются обсужденными выше, и эти рабочие гипотезы нуждаются в дальнейшем подтверждении. Понимание особенностей репродуктивной системы, механизмов опыления и оплодотворения, степени интрогрессии поможет выявить устойчивость этих гибридов и их потенциал для селекционных задач, определить родительские формы для контролируемого скрещивания, а также предугадать последствия естественной гибридизации и принимать меры по сохранению биоразнообразия.

Работа выполнена в рамках государственного задания Минобрнауки России № 125040404873-4 “Изучение генетического полиморфизма клетки, организма и популяции для разработки новых генетических технологий”.

Список литературы

1. Poliakova T.A., Shatokhina A.V., Fomicheva M.G., Politov D.V. Polyploidy and hybridization in *Spiraea* (Rosaceae): Cytogenetic insights from the hybrid *Spiraea hypericifolia* × *S. media* and its parental species in Tuvinian populations // Turczaninowia. 2026a. V. 29(1). P. 145–160. DOI: 10.14258/turczaninowia.29.1.19
2. Taberlet P. Universal primers for amplifications of three non-coding regions of chloroplast DNA // Plant Molecular Biology. 1991. V. 42. P. 51–57.
3. Raspé O. Inheritance of the chloroplast genome in *Sorbus aucuparia* L. (Rosaceae) // Journal of Heredity. 2001. V. 92(6). P. 507–509. DOI: 10.1093/jhered/92.6.507
4. Pang X.H., Liu C., Shi L.C., Liu R., Liang D., Li H., Cherny S.S., Chen S. Utility of the trnH-psbA intergenic spacer region and its combinations as plant DNA barcodes: a meta-analysis // PLoS One. 2012. V. 7(11). P. e48833. DOI: 10.1371/journal.pone.0048833
5. Zhang S.-Y., Yan H.-F., Wei L., Liu T.-J., Chen L., Hao G., Wu X., Zhang Q.-L. Plastid genome and its phylogenetic implications of Asiatic *Spiraea* (Rosaceae) // BMC Plant Biology. 2024. V. 24. P. 23. DOI: 10.1186/s12870-023-04697-8
6. Kress W.J., Erickson D.L. A two-locus global DNA barcode for land plants: the coding rbcL gene complements the non-coding trnH-psbA spacer region // PLoS One. 2007. V. 2(6). P. e508. DOI: 10.1371/journal.pone.0000508
7. Полякова Т.А., Шатохина А.В., Ахметова Е.О., Политов Д.В. Молекулярные маркеры для идентификации гибридов и оценки потока генов в тувинских популяциях *Spiraea* (Rosaceae) // Генетика. 2026. Т. 62. № 11. С. 20–30. DOI: 10.7868/S3034510326110022
8. Полякова Т.А. Адаптивные стратегии и генетическая устойчивость видов рода *Spiraea* (Rosaceae) в природных популяционных системах // Успехи современной биологии. 2022. Т. 142. № 5. С. 530–542. DOI: 10.31857/S0042132422050118

Информация об авторах:
Полякова Татьяна Александровна, ORCID ID 0000-0002-8258-127X
Шатохина Анна Валерьевна, ORCID ID 0000-0003-1573-478X

DOI: 10.48612/altuhov/2026_02-26

Влияние позднекайнозойских климатических изменений на филогеографическую структуру реликтовых растений Южной Сибири

Протопопова М.В.[1,2]*, Павличенко В.В.[1,2], Швецова Н.А.[1], Нелюбина П.Е.[1]

[1]Сибирский институт физиологии и биохимии растений СО РАН (СИФБР СО РАН), Иркутск, Россия

[2]Иркутский государственный университет (ИГУ), Иркутск, Россия

**e-mail: marina.v.protopopova@gmail.com*

Influence of late Cenozoic climate changes on the phylogeographic structure of South Siberian relict plants

Protopopova M.V.[1,2]*, Pavlichenko V.V.[1,2], Shvetsova N.A.[1], Nelyubina P.E.[1]

[1]Siberian Institute of Plant Physiology and Biochemistry, Siberian Branch of the Russian Academy of Sciences, Irkutsk, Russia

[2]Irkutsk State University, Irkutsk, Russia

**e-mail: marina.v.protopopova@gmail.com*

Резюме. Исследование посвящено определению филогеографической структуры некоторых неморальных реликтовых видов растений гор Южной Сибири. Полученные данные показали наличие схожих пространственно-генетических паттернов у модельных видов, выраженных в разделении популяций на западные и восточные надгруппы. В свою очередь, на хребте Хамар-Дабан распределение генетических линий соответствует модели нескольких основных плейстоценовых микрорефугиумов, изолированных друг от друга ледниками в период максимума последнего оледенения. Учитывая охраняемый статус объектов исследования, выявленные филогеографические паттерны послужат основой при разработке рекомендаций по их мониторингу и сохранению.

Ключевые слова: Байкальская Сибирь, Восточный Саян, Западный Саян, неморальные реликты, оледенение, плейстоценовые рефугиумы, хребет Хамар-Дабан

Abstract. The study focuses on determining the phylogeographic structure of some nemoral relict plant species in the South Siberian mountains. The findings reveal similar spatial-genetic patterns among the model species, manifested in the split of populations into western and eastern supergroups. Furthermore, on the Khamar-Daban Ridge, the distribution of genetic lineages conforms to a model of several major Pleistocene microrefugia isolated by glaciers during the Last Glacial Maximum (LGM). Given the protected status of the studied species, the identified phylogeographic patterns will establish a foundation for developing targeted monitoring and conservation strategies.

Keywords: Baikal Siberia, the Eastern Sayan Mountains, the Western Sayan Mountains, nemoral relicts, glaciation, Pleistocene refugia, the Khamar-Daban Ridge

Работа посвящена изучению роли позднекайнозойских климатических изменений в формировании современной филогеографической структуры некоторых неморальных реликтовых видов растений гор Южной Сибири. Климатические изменения этого периода выражались в прогрессирующем похолодании и усилении континентальности, достигших кульминации в плейстоцене. Одним из существенных преобразований растительности в ответ на эти процессы явилось нарушение целостности транспалеарктической зоны широколиственных (неморальных) лесов и их исчезновение на территории Сибири. Горы Южной Сибири сыграли решающую роль в сохранении остатков неморальной флоры, выступая в качестве рефугиумов. Реликтовые виды, пережившие климатические изменения, в настоящее время имеют дизъюнктивные ареалы, ставшие результатом фрагментации третичных лесных сообществ. Целью работы было установление

современных филогеографических паттернов неморальных реликтовых видов на территории Южной Сибири для определения направлений динамики их ареалов в позднем кайнозое и квартере. В качестве основных объектов исследования были использованы *Anemone altaica* Fisch. ex C. A. Mey., *A. baicalensis* Turcz., *Eranthis sibirica* DC. и *Waldsteinia ternata* (Stephan) Fritsch, относящиеся к третичному неморальному комплексу. Сбор образцов для молекулярно-генетического анализа проводили из популяций хр. Хамар-Дабан, Восточного Саяна и Западного Саяна. Выделение суммарной ДНК проводили ЦТАБ методом с авторскими модификациями. В качестве молекулярных маркеров использовали регионы пластидной (*matK, rps16, trnL* и *trnL–trnF*, *trnH-psbA*) и ядерной (ITS1-ITS2) ДНК. Определение нуклеотидной последовательностей использованных маркеров проводили по методу Сэнгера на генетическом анализаторе серии 3500 (Applied Biosystems). Филогенетический анализ проводили методом максимального правдоподобия (ML) в программе MEGA v. 6.06 и байесовским анализом (BI) на основе метода Монте-Карло для марковских цепей с учетом наиболее оптимальных моделей нуклеотидных замен. Анализ молекулярной дисперсии (AMOVA) и расчет индексов фиксации был проведен в программе PopART v. 1.7 и GenAlEx v.6.5. Анализ главных координат, оценка модели изоляции расстоянием и пространственный автокорреляционный анализ также были выполнены в GenAlEx. Исследования показали наличие схожих филогеографических паттернов у всех исследованных видов. Так, было показано наличие западных и восточных филогеографических надгрупп популяций для каждого вида. Западные надгруппы модельных видов объединяли популяции с Западного Саяна, а для *A. altaica* и с Алтая. Восточные надргуппы представлены популяциями с хр. Хамар-Дабан, а для части видов дополнительно и популяциями с Восточного Саяна и хр. Танну-Ола. На хребте Хамар-Дабан была выявлена дополнительная филогеографическая структура. Так, пространственное распределение генетических линий изученных видов соответствует модели нескольких основных плейстоценовых микрорефугиумов, частично или полностью изолированных друг от друга положением ледников в течение максимума последнего оледенения (LGM). Учитывая охраняемый статус объектов исследования, особенности современной филогеографической структуры изученных видов будут использованы для разработки научно обоснованных рекомендаций по их мониторингу и сохранению.

Исследование выполнено при поддержке гранта Президентского фонда природы № ЭКО-26-2-000928. Авторы также благодарят ЦКП «Биоаналитика» СИФИБР СО РАН за предоставленный доступ к оборудованию. Часть исследования выполнена в рамках государственного задания Минобрнауки России для Федерального государственного бюджетного учреждения науки Сибирского института физиологии и биохимии растений Сибирского отделения Российской академии наук (Рег. № НИОКТР – 125021902487-9).

Информация об авторах:
Протопопопова Марина Владимировна, ORCID ID 0000-0002-4722-5368
Павличенко Василий Валерьевич, ORCID ID 0000-0002-8253-8458
Швецова Наталия Александровна, ORCID ID 0009-0002-6482-5127
Нелюбина Полина Евгеньевна, ORCID ID 0009-0002-0367-7204

DOI: 10.48612/altuhov/2026_02-27

Популяционно-генетическое исследование ядерных микросателлитных локусов сосны обыкновенной (*Pinus sylvestris* L.)

Рябухина М.В.[1]*, Крутовский К.В.[2,3,4,5]

[1]*Экспертно-криминалистический центр МВД России, Москва, Россия*

[2]*Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова Российской академии наук, Москва, Россия*

[3]*Гёттингенский университет им. Георга Августа, Гёттинген, Германия*

[4]*Сибирский федеральный университет, Красноярск, Россия*

[5]*Воронежский государственный лесотехнический университет им. Г. Ф. Морозова, Воронеж, Россия*

**e-mail: marija-rjabuhina@mail.ru*

Population-genetic study of nuclear microsatellite loci in Scots pine (*Pinus sylvestris* L.)

Ryabukhina M.V.[1]*, Krutovsky K.V.[2,3,4,5]

[1]*Forensic Science Center, Ministry of Internal Affairs of the Russian Federation, Moscow, Russia*

[2]*Vavilov Institute of General Genetics, Russian Academy of Sciences, Moscow, Russia*

[3]*Georg-August University of Göttingen, Göttingen, Germany*

[4]*Siberian Federal University, Krasnoyarsk, Russia*

[5]*G.F. Morozov Voronezh State University of Forestry and Technologies, Voronezh, Russia*

**e-mail: marija-rjabuhina@mail.ru*

Резюме. Изменчивость 28 микросателлитных локусов ядерной ДНК изучена с использованием 56 выборок из популяций сосны обыкновенной европейской части России, Урала, Сибири, Восточного Забайкалья и Дальнего Востока с целью их дальнейшего использования для мониторинга состояния лесных экосистем и в судебной экспертизе. В результате были отобраны высоко полиморфные и наиболее надёжно и однозначно генотипируемые локусы.

Ключевые слова: молекулярно-генетические методы, ДНК-анализ, микросателлитные маркеры, сосна обыкновенная, популяция

Abstract. The variability of 28 microsatellite loci of nuclear DNA was studied using 56 samples from of Scots pine populations across the European part of Russia, the Urals, Siberia, the Eastern Transbaikalia, and the Russian Far East, with the aim of their future application in forest ecosystem monitoring and forensic analysis. As a result, highly polymorphic loci that could be genotyped most reliably and unambiguously were selected.

Keywords: molecular genetic methods, DNA analysis, microsatellite markers, Scots pine, population

Сосна обыкновенная (*Pinus sylvestris* L.) является одной из важнейших лесообразующих пород Евразии, отличающейся широким ареалом распространения и высокой экологической пластичностью. Высокополиморфные ядерные микросателлитные локусы позволяют получать информацию о структуре генетического разнообразия, уровне внутрипопуляционной и межпопуляционной дифференциации, выявлять процессы миграции генов и генетически идентифицировать индивидуальные организмы [1], что особенно важно в судебной экспертизе [2]. В отличие от органелльных маркеров, ядерные локусы отражают наследование генетической информации от обоих родителей, что обеспечивает более полное представление о генетической организации популяций [1].

Практическая значимость исследования связана с разработкой научно обоснованных подходов к сохранению генофонда вида, мониторингу состояния лесных экосистем, селекции, лесовосстановлению и решению экспертно-криминалистических задач.

Всего проанализировано порядка 500 образов сосны обыкновенной. Разделение и детекцию флуоресцентно меченых амплифицированных фрагментов выполняли на приборе капиллярного электрофореза с использованием полимерных сред. Оценка внутри- и межпопуляционной изменчивости 28 микросателлитных локусов ядерной ДНК *SsrPt_ctg4363, SPAC11.4, Psyl42, Psyl17, Psyl57, Isotig04306, PtTx3107, PtTx4011, PtTx2146, PtTx3025, PtTx4001, Isotig07383, Isotig11166, Isotig04195, Isotig27940, Isotig20215, Isotig06440, Isotig04931, Ps4523853, Ps008, SPAC12.5a, SPAC11.6, SPAG7.14, Ps_8085894_F, Ps_8684444_F, Ps_458881_F, Ps_3015784_F* и *Ps_4523853_F* была осуществлена в 14 популяциях, которые были представлены выборками более 15 деревьев на популяцию. Межпопуляционная генетическая дифференциация оказалась неожиданно очень высокой: F_{ST} = 0,512 ± 0,034, стандартизированная F'_{ST} = 0,638 (P < 0,001). AMOVA (Analysis of Molecular Variance) подтвердил, что почти половина общей генетической изменчивости (47%) связана с различиями между популяциями. Среднее значение внутрипопуляционного индекса фиксации (прокси коэффициента инбридинга) положительное и относительно невысокое (F_{IS} = 0,065 ± 0,030), что свидетельствует о незначительном дефиците гетерозигот в пределах популяций. Вместе с тем значения этого показателя существенно варьировали между локусами. Максимальные значения были отмечены для локусов *Isotig27940* (F_{IS} = 0,580), PtTx3107 (F_{IS} = 0,395), Isotig06440 (F_{IS} = 0,227) и Ps_4523853_F (F_{IS} = 0,221), что указывает на выраженный дефицит гетерозигот по данным локусам, возможно связан с внутрипопуляционной структурой (эффект Валунда) или нуль-аллелями. Результаты анализа показывают наличие выраженной пространственной генетической структуры у исследованных популяций сосны обыкновенной.

Исследуемая выборка характеризовалась значительным уровнем межпопуляционной вариабельности по большинству исследованных показателей. Среднее число аллелей на локус N_a = 4,8 ± 0,3, число эффективных аллелей N_e = 2,7 ± 0,1, индекс Шеннона I = 0,961 ± 0,042, наблюдаемая гетерозиготность H_o = 0,402 ± 0,017, ожидаемая гетерозиготность H_e = 0,441 ± 0,018, несмещённая ожидаемая гетерозиготность uH_e = 0,465 ± 0,019 и индекс фиксации F_{IS} = 0,073 ± 0,014.

По уровню аллельного разнообразия наиболее вариабельными оказались популяции Алтайского края (N_a = 6,4 ± 0,9), Республики Башкортостан (6,3 ± 0,9), Республики Коми (6,1 ± 1,0) и Красноярска (6,0 ± 1,0), тогда как минимальные значения были отмечены в популяциях Томской области (две выборки 2,4 ± 0,6 и 2,8 ± 0,8) и Республики Хакасия (2,9 ± 0,8). Аналогичные закономерности отмечены для числа эффективных аллелей, которое варьировало от 1,6 в популяциях Томской области до 3,9 в популяции Алтайского края.

Показатели гетерозиготности также демонстрировали различия между популяциями. Аналогичная тенденция прослеживалась и для ожидаемой гетерозиготности (H_e), которая варьировала от 0,265 в популяции Томской области до 0,662 в популяции Башкортостана.

В целом результаты анализа микросателлитных локусов ядерной ДНК показывают высокий уровень внутрипопуляционного генетического разнообразия сосны обыкновенной на большей части исследованного ареала и подтверждают высокую информативность SSR-маркеров для оценки популяционно-генетической структуры вида.

Вместе с тем при анализе продуктов электрофореза по исследуемым микросателлитным локусам были выявлены неспецифические ампликоны (артефакты ПЦР), что затрудняет интерпретацию данных. В локусах *SPAC11.6, SPAC 7.14, SPAC12.5a, SsrPt_ctg4363, Ps4523853, Ps_3015784_F, Ps008* и ряда других выявлены множественные пики, характерные практически для всех исследуемых проб (Рисунок 1), а также значительный дисбаланс высоты пиков.

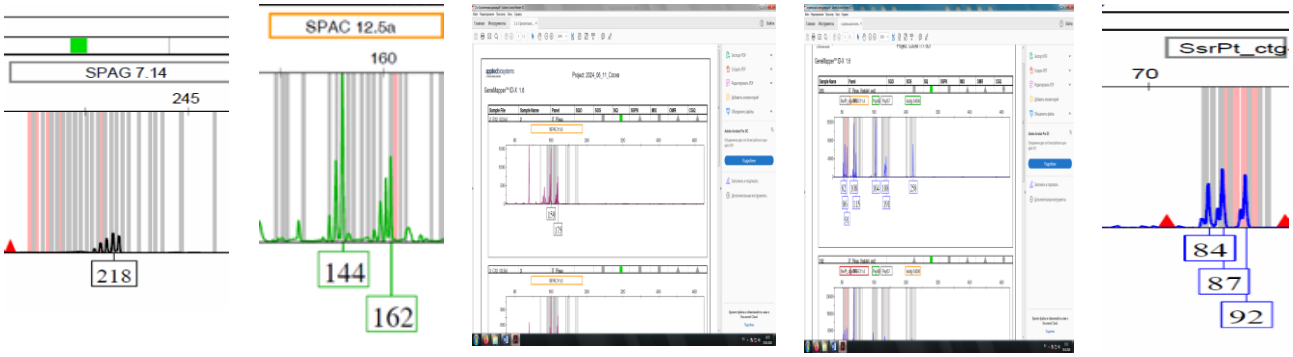


Рисунок 1 – Множественные пики в локусах.

Тестирование ряда локусов выявило наличие нулевых аллелей, что также затрудняет интерпретацию данных и усложняет статистические расчеты при определении уникальности генотипа в популяции (Рисунок 2).

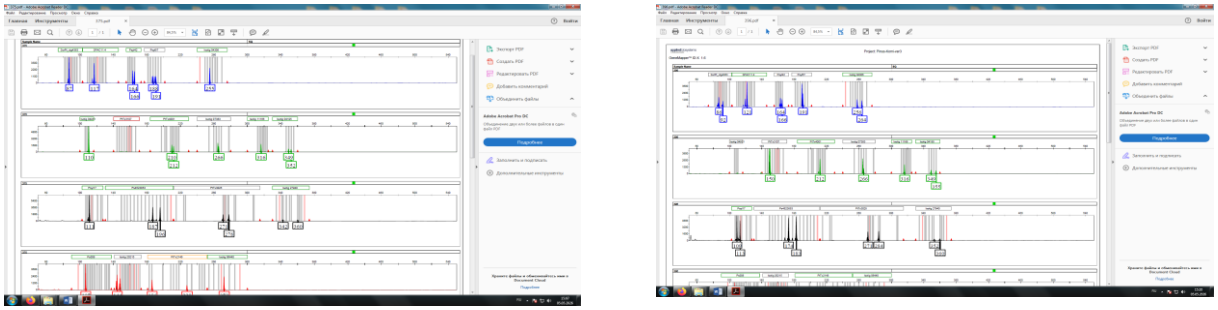


Рисунок 2 – Наличие нулевых аллелей в локусах *PtTx3107* и *Isotig04931.*

Таким образом в результате оценки информативности локусов и возможности достоверной интерпретации результатов было установлено, что наиболее информативными, обладающими высокой дискриминационной способностью и перспективностью для популяционно-генетических исследований популяций сосны обыкновенной в том числе в экспертной деятельности являются видоспецифичные локусы: *Isotig04306, Isotig07383, Isotig27940, Isotig06440, Ps_8085894* и *Ps_8684444*.

Список литературы

1. Oreshkova N.V., Krutovsky K.V. Molecular Genetic Markers in the Studies of Conifer Species // Russian Journal of Genetics. 2026. Vol. 62. No. 7. P. 799–822. https://doi.org/10.1134/S1022795426700262
2. Ryabukhina M.V., Oreshkova N.V., Sharov V.V., Krutovsky K.V. Development of nuclear DNA microsatellite loci for forensic studies of Scots pine (*Pinus sylvestris* L.), стр. 381-382 в Сборнике тезисов научно-практической конференции с международным участием «Генетика-2025» Института общей генетики (ИОГЕН) Российской Академии Наук, 5-7 ноября 2025 г. Москва. DOI: 10.48612/GENETICS/2025_10-9 https://disk.yandex.ru/d/2lbLZhvTdOcNIA

Информация об авторах:
Рябухина Мария Владимировна, ORCID ID 0000-0002-8409-6630
Крутовский Константин Валерьевич, ORCID ID 0000-0002-8819-7084

DOI: 10.48612/altuhov/2026_02-28

Возрастные изменения экспрессии генов в клетках камбия карельской берёзы (*Betula pendula* Roth var. *carelica* (Mercklin) Hämet-Ahti)

Сафронычева Е.Д.[1,2]*, Ветчинникова Л.В.[1,3], Жигунов А.В.[1], Потокина Е.К.[1,2]
[1]*Санкт-Петербургский государственный лесотехнический университет им. С.М. Кирова, Санкт-Петербург, Россия*
[2]*Санкт-Петербургский научно-исследовательский институт лесного хозяйства, Санкт-Петербург, Россия*
[3]*Институт леса Карельского научного центра Российской академии наук, Петрозаводск, Россия*
**esafronycheva@mail.ru*

Age-related changes in gene expression in the cambium cells of curly birch (*Betula pendula* Roth var. *carelica* (Mercklin) Hämet-Ahti)

Safronycheva E.[1,2]*, Vetchinnikova L.[1,3], Zhigunov A.[1], Potokina E.[1,2]
[1]*Saint-Petersburg State Forest Technical University named after S.M. Kirov, Saint-Petersburg, Russia*
[2]*Saint-Petersburg Forestry Research Institute, Saint-Petersburg, Russia*
[3]*Forest Research Institute of the Karelian Research Centre of the Russian Academy of Sciences, Petrozavodsk, Russia*
**esafronycheva@mail.ru*

Резюме. На примере генетически однородного клонового потомства изучена экспрессия генов в клетках камбия в период активного формирования узорчатой текстуры в древесине карельской берёзы (*Betula pendula* Roth var. *carelica* (Mercklin) Hämet-Ahti). Обнаружено, что большинство генов проявляют повышенную экспрессию на этапе виргинильного развития растений. С переходом в репродуктивную фазу, активность генов носит двунаправленный характер: у одних растений она ослабевает, у других – усиливается, что, по всей вероятности, обусловлено индивидуальными особенностями деревьев карельской березы и характером развития у них узорчатой древесины в стволе.
Ключевые слова: карельская берёза, *Betula pendula* var. *carelica,* РНК, паттерны экспрессии, возрастная динамика, камбиальные ткани

Abstract. Using genetically homogeneous clonal progeny, gene expression in cambium cells during the period of active pattern formation in curly birch wood (*Betula pendula* Roth var. *carelica* (Mercklin) Hämet-Ahti) was studied. It was found that most genes exhibit increased expression during the virginal stage of plant development. As the plant enters the reproductive phase, gene expression exhibits a bidirectional pattern: in some plants, it decreases, while in others, it increases. This is likely due to the individual characteristics of curly birch trees and the nature of pattern development in their trunks.
Keywords: Curly birch, *Betula pendula* Roth var. *carelica* (Mercklin) Hämet-Ahti, RNA, expression patterns, cambial tissues

Карельская берёза (*Betula pendula* Roth var. *carelica* (Mercklin) Hämet-Ahti) высоко ценится на мировом рынке за необычную текстуру древесины с особыми физико-механическими свойствами, делающими ее высокоценной для производства мебели и шпона, а также для изготовления сувениров. Однако образование узорчатой древесины у карельской березы проявляется внешне не сразу, а ее косвенные признаки у одних

становятся визуально заметными в возрасте 3–5 лет, а у других – только в 20–25 и даже в 40 лет. Причины этого до сих пор не раскрыты, хотя с самого начала изучения карельской березы многие ученые считали, что ксилогенез у нее связан с изменениями в работе камбия. Новые перспективы в этом плане открывает использование современных молекулярно-генетических методов. В связи с этим наше исследование направлено на поиск генов, экспрессия которых может изменяться в зависимости от возраста карельской берёзы.

Объектом изучения служило генетически однородное потомство одного из клонов карельской березы, изначально полученное путем клонального микроразмножения, входящего в состав коллекции клонов *in vitro*, создаваемой на базе лаборатории лесных биотехнологий Института леса КарНЦ РАН (http://www.ckp-rf.ru/usu/465691/), а ныне представляющее коллекцию генотипов карельской березы *ex vitro* (http://www.ckp-rf.ru/usu/3564416/). Материал для исследования отбирали с деревьев разного возраста – одного года, 3-х, 9-ти, 12-ти и 15-ти лет – в виде высечки тканей (3 х 3 х 3 мм) из ствола, помещая в пробирки Эппендорф, содержащие буфер для инактивации РНКаз (InactRNA, Evrogen, арт. BC031). Сбор материала (в двух повторностях) осуществляли в период активной деятельности камбия (первая декада июля). В качестве контроля использовали 16-летнюю берёзу повислую (*Betula pendula* Roth) семенного происхождения, произрастающую, как и опытные растения, на территории Агробиологической станции Карельского научного центра РАН, расположенной в окрестностях г. Петрозаводска.

Выделение РНК из растительных тканей проводили с помощью набора SpiNXT Plant RNA Extraction Kit (“Genes2me”, Индия), оценку ее качества – с использованием спектрофотометра Nanodrop (Thermo Fisher Scientific, ООО «Фарма»), а концентрации – флуориметра Qubit (США). Библиотеки для секвенирования готовили с помощью набора Corall RiboCop (PolyA mRNA). Секвенирование проводили на NovaSeq X Plus в парноконцевом режиме. Полученные прочтения обработаны Trimmomatic для удаления низкокачественных данных и коротких фрагментов. Выравнивание на референсную последовательность (CoGe ID: 35079) выполняли методом Star2, подготовку к анализу экспрессии – с помощью Picard. Для подсчета экспрессии генов использовали Feature Counts. Статистическую обработку данных проводили в среде R. Для сравнительного анализа растения карельской березы разделили «условно» на три группы в зависимости от возраста: I (1 и 3 года), II (9 и 12 лет) и III (15 лет). Попарное изучение разных возрастных групп проводили с помощью программного пакета DeSeq2, а определение уровня экспрессии генов – DEGreport.

Проведенные исследования позволили выявить 4 типа колебаний экспрессии генов в клетках камбия (и его окружающих) генетически однородных растений карельской березы, которые заметно различались в зависимости от возраста растений (Рисунок). Например, повышенная экспрессия у большинства генов (группы 1 и 2, суммарно 573 гена) зафиксирована на начальном этапе виргинильного развития растений. Однако с переходом растений в репродуктивную фазу, активность генов носит двунаправленный характер: у одних она ослабевает, а у других – усиливается. Не исключено, что у растений, определяющих состав группы 2, высокая активность генов продолжалась более короткий период по сравнению с растениями группы 1. В этом случае в ближайшие годы у последних, по-видимому, можно ожидать новый всплеск экспрессии генов в клетках камбия. Другой тип колебаний объединяет группы 3 (33 гена) и 4 (28 генов), при котором повышение экспрессии происходит постепенно, но к 15-ти годам жизни у деревьев одной

из групп (группа 4) она резко снижается. Возможно, это обусловлено разными сроками перехода растений в репродуктивную фазу развития.

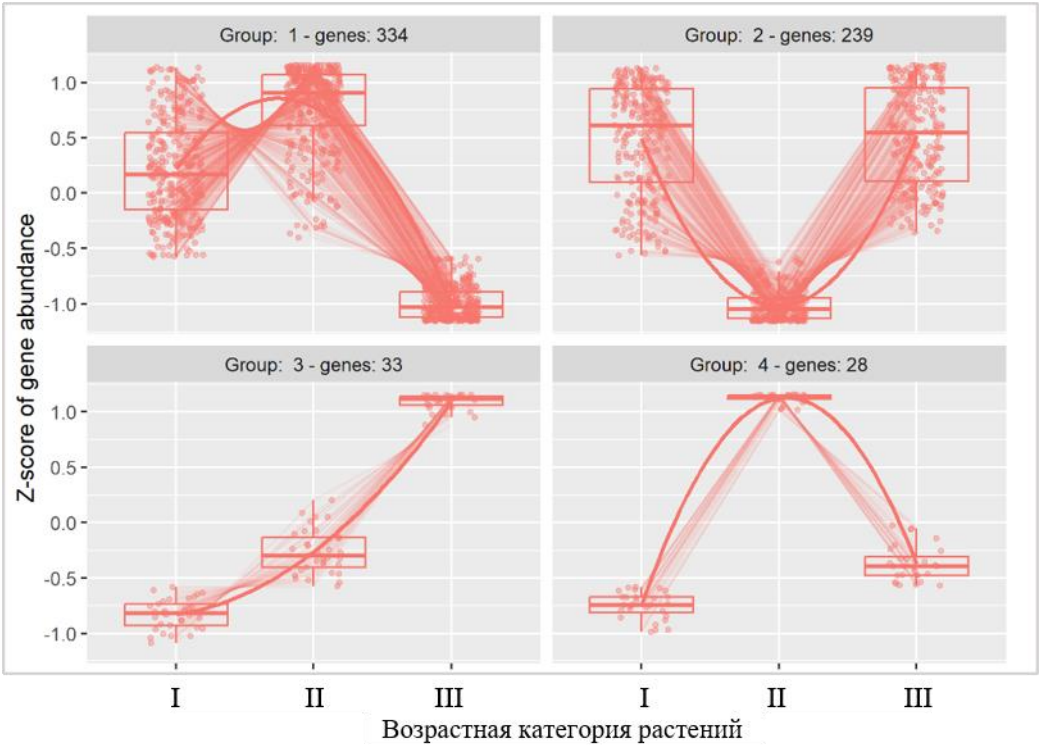


Рисунок – Колебания экспрессии генов (по группам и их количеству), выделенных из клеток камбия (и его окружающих) генетически однородных растений карельской берёзы, (полученных путем клонального микроразмножения) на ранних этапах их развития, где на оси ординат – Z-нормализованная экспрессия генов, на оси абсцисс – возрастная категория растений: I (1 и 3 года), II (9 и 12 лет) и III (15 лет). Линии тренда отражают средние значения уровня экспрессии по кластеру.

В целом в результате исследования в клетках камбия карельской березы выявлено 4 типа колебаний экспрессии генов, которые, по-видимому, зависят как от возраста растений, так и индивидуальных особенностей развития узорчатой текстуры в их древесине. Авторы полагают, что дальнейшие исследования позволят ускорить решение вопросов, связанных с механизмами формирования узорчатой текстуры в древесине карельской березы.

Исследование выполнено за счет средств Российского научного фонда (проект № 22-16-00096-П «Выявление генетических факторов, контролирующих признак «узорчатость древесины» у карельской березы, с использованием высокопроизводительного генотипирования»).

Информация об авторах:
Сафронычева Елизавета Дмитриевна, ORCID ID 0009-0001-7015-5230
Ветчинникова Лидия Васильевна, ORCID ID 0000-0003-2091-905X
Жигунов Анатолий Васильевич, ORCID ID 0000-0001-8707-7526
Потокина Елена Кирилловна, ORCID ID 0000-0002-2578-6279

DOI: 10.48612/altuhov/2026_02-29

Изменчивость хлоропластной ДНК робуроидных дубов в сравнении с ядерными маркерами, и особенности эволюции видов секц. *Quercus* в Евразии

Семерикова С.А.[1]*, Семериков В.Л.[1], Писарева М.П.[1], Ташев А.Н.[2], Величков И.В.[3], Хинков Г.И.[3]

[1]*Институт экологии растений и животных УрО РАН, Екатеринбург, Россия*

[2]*Лесотехнический университет, София, Болгария*

[3]*Институт леса Болгарской академии наук, София, Болгария*

**e-mail:s.a.semerikova@ipae.uran.ru*

Variability of Chloroplast DNA in Roburoid Oaks in Comparison with Nuclear Markers, and Evolution of Sect. *Quercus* Species in Eurasia

Semerikova S.A.[1]*, Semerikov V.L.[1], Pisareva M.P.[1], Tashev A.N.[2], Velichkov I.V.[3], Hinkov G.I.[3]

[1]*Institute of Plant and Animal Ecology, Ural Branch of the Russian Academy of Sciences, Yekaterinburg, Russia*

[2]*University of Forestry, Department of Dendrology, Sofia, Bulgaria*

[3]*Forest Research Institute, Bulgarian Academy of Sciences, Sofia, Bulgaria*

**e-mail:s.a.semerikova@ipae.uran.ru*

Резюме. Проведено масштабное исследование филогеографической структуры европейских робуроидных дубов в восточной части ареала. На Балканах проанализировано 1083 образца из 67 популяций шести видов, выявлена географическая дифференциация хлоропластной ДНК (хпДНК). Проведен филогенетический анализ хпДНК. Сравнение структуры хпДНК с ядерной изменчивостью обнаруживает различия между видами в стратегии распространения.

Ключевые слова: филогеография, молекулярная филогения, рефугиумы, Балканы, Кавказ, Причерноморье, интрогрессия

Abstract. A large-scale study of the phylogeographic structure of European roburoid oaks in the eastern part of their range was conducted. In the Balkans, 1083 samples from 67 populations of six species were analyzed, revealing geographic differentiation of cpDNA. A phylogenetic analysis of cpDNA was conducted. Comparison of cpDNA structure with nuclear variability reveals differences in dispersal strategies between species.

Keywords: phylogeography, molecular phylogeny, refugia, Balkans, Caucasus, Black Sea region, introgression

Для группы робуроидных дубов, или евразийских представителей секц. *Quercus*, свойственна быстрая эволюция и диверсификация [1]. Ценным источником сведений об истории этой группы является филогеография на основе (хпДНК). Помимо идентификации рефугиумов и путей миграций, анализ хпДНК в сочетании с маркерами ядерной ДНК позволяет выявлять следы межвидовой гибридизации [2, 3], обусловленные различиями в характере распространения маркеров – за счет переноса семян или за счет пыльцевого потока. Отмечается, что асимметричная интрогрессивная гибридизация у робуроидных дубов представляет собой механизм ускоренной миграции [4].

Восточная часть ареала (Причерноморье, Кавказ, Малая Азия, Балканы) – область повышенного разнообразия группы робуроидных дубов. Предполагается, что эта область является одним из основных рефугиумов европейских умеренных лесов, и её исследование важно для понимания эволюции и четвертичной истории робуроидных дубов. Изменчивость хпДНК была изучена в 281 выборке (3894 дерева), из которых в

Крыму – 55 выборок (758 образцов), на Кавказе – 107 (1207 образцов), в северо-восточной части ареала – 52 (846 образцов) [3, 5-7]. Исследованы все произрастающие в регионах виды, включая внутривидовые таксоны и таксоны со спорным статусом. В Крыму исследованы популяции *Q. robur, Q. petraea, Q. pubescens*, *Q. calcarea* Troitsk., на Кавказе, кроме этих видов, также исследованы *Q. macranthera* Fisch. & C.A.Mey. ex Hohen. и *Q. hartwissiana* Stev.

Ключевым для филогеографии робуроидных дубов является Балканский регион – район предполагаемых первичных рефугиумов (Petit et al., 2002), где структура хпДНК ранее была наименее изученной. В данной работе в регионе проанализировано 1083 образца из 67 популяций всех робуроидных дубов Болгарии: *Q. robur* s. l., включая таксоны со спорным статусом (*Q. pedunculiflora* C. Koch, *Q. mestensis* Bond.), *Q. petraea* s. l., *Q. pubescens*, *Q. hartwissiana*, *Q. frainetto* Ten., *Q. protoroburoides* Donchev & Bouzov ex Tashev & Tsavkov. Сбор материала охватил большинство флористических районов и все основные географические области Болгарии, как горные, так и равнинные – северо-восточная Болгария (Южная Добруджа), Дунайская равнина, Стара Планина (Балканские горы), Средна Гора, горные массивы Рила и Пирин, Западные, Центральные и Восточные Родопы, Фракийская и Тунджанская равнины, черноморское побережье и массив Странджа, а также выборки из Греции (п-ов Халкидики).

Типирование гаплотипов происходило с помощью cpSSR-локусов и RFLP-анализа, в сочетании с секвенированием всех выявленных гаплотипов по пяти хпДНК фрагментам *psa*A-*trn*S, *psb*C-*trn*D, *trn*T-*trn*F, *trn*K-*mat*K и *trn*H-*psb*A, общей длиной ~ 10 100 п.н. Всего в исследованных регионах выявлено 30 гаплотипов, из них на Балканах – 12, в Крыму и на Кавказе – 11, в северо-восточной части ареала – 10. При этом между регионами почти не было общих гаплотипов. В Крыму и на Северном Кавказе обнаружено четыре района с резко различным составом гаплотипов [6, 7], области смешения между которыми крайне ограничены, что связано с расселением из отдельных рефугиумов, а также со сниженной подвижностью матерински наследуемых маркеров, передающихся с семенами. Подобная резкая граница между наборами гаплотипов наблюдается в северо-восточной части ареала *Q. robur*, обусловленная распространением из западных и восточных рефугиумов [5].

На Балканах, где проанализировано распределение 12 гаплотипов в 67 популяциях, также была выявлена отчетливая географическая дифференциация хпДНК. В районах предполагаемых первичных рефугиумов – в горном массиве Странджа на юго-востоке Болгарии и в более западной части Болгарии – в горах Рила, Пирин и Родопы – фиксированы уникальные наборы гаплотипов, и практически отсутствуют гаплотипы прилегающих областей. Однако в целом в Болгарии границы между областями с разным набором гаплотипов заметно более размыты, что предположительно свидетельствует о более раннем расселения дубов из рефугиумов, по сравнению с Крымом и Кавказом. На Балканах наблюдается сложная мозаичная дифференциация в разных направлениях: запад-восток, север-юг, отличие горных районов, и отдельных равнинных (например, Южная Добруджа). Эндемичные гаплотипы, приуроченные к Черноморскому побережью Болгарии, отсутствуют во внутренних областях, что подтверждает гипотезу послеледникового распространения дубов вдоль моря. В районах предполагаемых первичных рефугиумов на Балканах произрастают эндемичные таксоны: в районе Странджа – *Q. petraea* ssp. *polycarpa* и *Q. hartwissiana*, в горах Рила и прилегающих к ним районах – *Q. protoroburoides* и *Q. mestensis*.

Балканский регион считался одним из источников миграции робуроидных дубов на север и восток [8]. Полученные данные частично подтверждают это предположение: четыре выявленных на Балканах гаплотипа совпали с гаплотипами с северо-востока. Однако остальные «северные» гаплотипы не совпадают с балканскими, что говорит о существовании более северных (Карпаты) или более западных источников распространения (вторичных рефугиумов). Несколько эндемичных балканских гаплотипов не имеют родственных в других регионах: их распространение приурочено к первичным рефугиумам р-на Странджи, но на север они продвигаются лишь

незначительно вдоль черноморского побережья. Таким образом, участие восточно-балканских рефугиумов в послеледниковой реколонизации более северных областей ограничено.

Общих гаплотипов для Балкан и крымско-кавказского региона не обнаружено.

Во всех регионах у произрастающих симпатрично робуроидных дубов совпадал состав хпДНК гаплотипов, свидетельствуя о межвидовом генетическом потоке. Для всех видов было проведено исследование генетической структуры по ядерным микросателлитным маркерам (nSSR). Различия видов в структуре изменчивости ядерного и хлоропластного геномов отражает различия в стратегии расселения. У *Q. robur* в крымско-кавказском регионе [3] и на Балканах генетическая структура по nSSR близка структуре хпДНК, что свидетельствует о пионерной роли *Q. robur*, расселявшегося из рефугиумов путем распространения семян. У дуба скального генетическая структура по ядерным маркерам также отчасти повторяет структуру изменчивости хлоропластных маркеров. Отсутствует или слабо выражена популяционно-географическая структура по ядерным маркерам у достаточно широко распространенных видов: у *Q. calcarea* в крымско-кавказском регионе [3], и у *Q. pubescens* и *Q. frainetto* в Болгарии, что предполагает расселение данных видов в исследуемых районах при улучшении климата с помощью пыльцевого потока и посредством интрогрессивной гибридизации с ранее расселившимися более холодостойкими видами.

Получено филогенетическое дерево хпДНК, построенное на основании последовательностей пяти хлоропластных фрагментов 30 гаплотипов хпДНК (~ 10 000 п.н.) и соответствующих регионов хлоропластных геномов из Genbank и ресурса https://quercusportal.pierroton.inra.fr/index.php?p=GENOMIC_SEQ. Это дерево сравнивалось с построенным нами (ML) деревом 50 пластомов (~ 160 000 п.н.) робуроидных дубов. На дереве пластомов отделяется высоко поддержанная клада восточноазиатских гаплотипов и четыре глубоко дивергированные линии западно-евроазиатских гаплотипов, которые имеют слабое разрешение между собой. Топология деревьев пластомов и гаплотипов во многом совпадают, однако в филогении пластомов отсутствуют некоторые дивергентные гаплотипы из Зап. Причерноморья, Крыма и Кавказа. Получение пластомов этих гаплотипов поможет прояснить взаимоотношения основных эволюционных линий хпДНК робуроидных дубов.

Исследование выполнено за счет гранта Российского научного фонда № 25-24-01185, https://rscf.ru/project/25-24-01185/.

Список литературы

1. Hipp A.L., Manos P.S., Hahn M. et al. Genomic landscape of the global oak phylogeny// New Phytologist. 2020. V. 226. Iss. 4. P. 1198–1212. DOI: 10.1111/nph.16162
2. Chen J, Zeng YF, Zhang DY. Dispersal as a result of asymmetrical hybridization between two closely related oak species in China // Mol. Phylogenet. Evol. 2021 V. 154:106964. DOI: 10.1016/j.ympev.2020.106964.
3. Семерикова С.А., Семериков В.Л, Алиев Х.У. Контрастная генетическая структура двух широко распространенных на Кавказе дубов *Quercus robur* и *Q. calcarea* отражает различия в стратегии расселения // Генетика. 2026. Т. 62. № 10. В печати.
4. Petit R.J., Bodénès C., Ducousso A. et al. Hybridization as a mechanism of invasion in oaks // New Phytol. 2004. V. 161. P. 151–164. DOI: 10.1046/j.1469-8137.2003.00944.x
5. Семерикова С.А., Исаков И.Ю., Семериков В.Л. Изменчивость хлоропластной ДНК и филогеография дуба черешчатого *Quercus robur* L. в восточной части ареала // Генетика. 2021. Т. 57. № 1. С. 56–71. DOI: 10.31857/S0016675821010136
6. Семерикова С.А., Подергина С.М., Ташев А.Н., Семериков В.Л. Филогеография видов дуба в Крыму выявляет плейстоценовые рефугиумы и пути миграций // Экология. 2023a. V. 54. № 3. С.188–203. DOI: 10.31857/S0367059723030058
7. Семерикова С.А., Алиев Х.У., Семериков Н.В., Семериков В.Л. Филогеография видов дуба на Кавказе по результатам анализа хлоропластной ДНК // Генетика. 2023b. Т. 59. № 7. С. 772-788. DOI: 10.31857/S001667582307010X

8. Petit R.J., Brewer S., Bordacs S. et al. Identification of refugia and postglacial colonisation routes of European white oaks based on chloroplast DNA and fossil pollen evidence // Forest Ecol. Management. 2002. V. 156. P. 49–74. DOI: 10.1016/S0378-1127(01)00634-X

Информация об авторах:
Семерикова Светлана Александровна, ORCID ID 0000-0002-6722-8849
Семериков Владимир Леонидович, ORCID ID 0000-0002-2942-8794
Писарева Мария Павловна, ORCID ID 0009-0003-4568-5584
Ташев Александр Николаевич, ORCID ID 0000-0002-1979-2568
Величков Ивайло Величков, ORCID ID 0000-0001-8999-7035
Хинков Георги Иванов, ORCID ID 0000-0001-5103-6255

DOI: 10.48612/altuhov/2026_02-30

Жизнь в рефугиуме: клональность против генетического разнообразия (*Eversmannia subspinosa*, Fabaceae)

Шанцер И.А.*, Федорова А.В., Степанова Н.Ю.
Главный ботанический сад им. Н.В. Цицина РАН, Москва, Россия
** e-mail: ischanzer@gmail.com*

Refugial life: clonality vs. genetic diversity (*Eversmannia subspinosa*, Fabaceae)

Schanzer I.A. [1]*, Fedorova A.V.[1], Stepanova N.Yu.[1]
Tsitsin Main Botanical Garden RAS, Moscow, Russian Federation
** e-mail: ischanzer@gmail.com*

Резюме. В четырех популяциях редкого вида бобовых *Eversmannia subspinosa* по данным ISSR маркирования и 4 пластидных участков установлено преобладание вегетативного размножения. Популяция данного вида с г. Большое Богдо в Астраханской области оказалась представленной двумя обширными клонами на разных склонах горы полностью генетически дифференцированными и изолированными друг от друга. Полученные результаты свидетельствуют о том, что выживание популяций реликтовых видов не обязательно связано с высоким генетическим полиморфизмом, а может обеспечиваться вегетативным размножением.
Ключевые слова: генетическая структура, популяция, вегетативное размножение, клоны

Abstract. Based on ISSR markers and four plastid regions, vegetative reproduction was found to predominate in four populations of the rare legume species *Eversmannia subspinosa*. The population from Mount Bolshoye Bogdo (Astrakhan Oblast, Russia) was represented by two extensive clones occupying different slopes of the mountain; these clones were completely genetically differentiated and isolated from one another. These findings suggest that the persistence of relict species populations does not necessarily depend on high genetic polymorphism, but may instead be maintained through vegetative reproduction.
Keywords: genetic structure, population, vegetative propagation, clones

Эверсманния почти-колючая (*Eversmannia subspinosa* (Fisch. ex DC.) B. Fedtsch.) — редкий вид бобовых, занесенный в Красную книгу РФ. Это единственный представитель монотипного рода *Eversmannia*, входящего в трибу Hedysareae. Вид имеет обширный ареал, простирающийся от западных районов Китая на востоке до Калмыкии на западе, и от северного Казахстана на севере до предгорий Эльбурса в северном Иране на юге. Вместе с тем, всюду он достаточно редок и представлен иногда довольно многочисленными, но распложенными на больших расстояниях друг от друга

популяциями, произрастающими на специфических загипсованных или известняковых субстратах. Анализ последовательностей пластидных межгенных спейсеров *trn*L-*trn*F, *atp*B-*rbc*L, *rpl*32-*trn*L(UAG) и *trn*V-*ndh*C по всему ареалу этого вида выявил 26 гаплотипов, образующих две крупные филогенетические линии, возраст которых оценивается с помощью молекулярных часов в программе BEAST приблизительно в 1 млн. лет (Schanzer, Fedorova, Stepanova, unpublished data). Вероятно, *E. subspinosa* представляет собой реликт плейстоценового времени, сохранившийся в настоящее время в пространственно изолированных рефугиумах. Эти результаты были получены из анализа ДНК гербарных образцов, хранящихся в Гербариях LE и MHA. Более детальный анализ популяционной структуры был проведен для четырех пространственно удаленных друг от друга популяций эверсманнии из западной части ее ареала: на западном чинке плато Устюрт, вдоль берега р. Сагыз (обе – Западный Казахстан), на г. Большое Богдо (Астраханская обл.) и в балке Кегульта на Ергенинской возвышенности (Респ. Калмыкия). Наиболее детально была исследована популяция *E. subspinosa* с г. Большое Богдо [1]. Были использованы ядерные межмикросателлитные (ISSR) маркеры и упомянутые последовательности четырех участков пластидной ДНК. Установлено, что популяция состоит из двух локальных субпопуляций на северо-восточном и южном склонах горы, соответственно, каждая из которых представлена преимущественно единственным вегетативным клоном. Анализ молекулярно-генетических данных показал, что 1) обе субпопуляции характеризуются исключительно низким генетическим разнообразием (процент полиморфных фрагментов составил 6,32% и 4,21%, соответственно) и крайне низкой ожидаемой гетерозиготностью (He = 0,019±0,009 и 0,008±0,005, соответственно); 2) сильно генетически дифференцированы друг от друга (PhiPT = 0,98; p<<0,000); 3) обладают каждая своим специфическим пластидным гаплотипом, отличающимся характером распределения инделей. Анализ ISSR маркеров в программе STRUCTURE показал полное отсутствие генетического смешения между субпопуляциями, что указывает на отсутствие потока генов между ними. В пределах обеих субпопуляций размножение осуществляется практически исключительно вегетативным путем, роль семенного возобновления ничтожно мала. Вероятно, что такие характеристики являются следствием краевого изолированного положения популяции на северо-западной границе ареала *E. subspinosa* и ее произрастания в неблагоприятных для этого вида условиях в течение последних нескольких десятков тысяч лет. Сходная популяционная структура с преобладанием вегетативных клонов была выявлена на меньших по размеру выборках в трех других популяциях. Результаты исследования свидетельствуют, что длительное успешное выживание популяций редких видов растений совершенно не обязательно связано с перекрестным опылением и высоким генетическим полиморфизмом в локальных популяциях, как, например, у *Potentilla volgarica* Juz. [2], но, напротив, может обеспечиваться вегетативным размножением.

Список литературы

1. Шанцер И.А., Федорова А.В., Степанова Н.Ю. Еще раз о популяции *Eversmannia subspinosa* (Fabaceae, Hedysareae) на горе Большое Богдо и о вегетативных клонах у бобовых. // Нов. бюл. ГБС. 2025. №1(3–4). С. 52–69. DOI: 10.35102/cbg.2025.58.75.004
2. Schanzer I.A., Fedorova A.V., Shelepova O.V., Suleymanova G.F. Molecular phylogeny and phylogeography of *Potentilla multifida* L. agg. (Rosaceae) in Northern Eurasia with special focus on two rare and critically endangered endemic species, *P. volgarica* and *P. eversmanniana.* // Plants. 2020. № 9(12). 1798. DOI: 10.3390/plants9121798

Информация об авторах:
Степанова Нина Юрьевна, ORCID ID 0000-0002-8414-4794
Федорова Алина Викторовна, ORCID ID 0000-0001-7362-2124
Шанцер Иван Алексеевич, ORCID ID 0000-0003-4216-9923

DOI: 10.48612/altuhov/2026_02-31

Генетическая структура багульников Северной Америки по данным хлоропластных и ядерных маркеров

Юнусова Д.Р.*, Полежаева М.А.
Институт экологии растений и животных УрО РАН, Екатеринбург, Россия
**e-mail: dianaiunusova@mail.ru*

Genetic structure of *Rhododendron* subsection *Ledum* species based on chloroplast and nuclear markers

Iunusova D.*, Polezhaeva M.
Institute of Plant and Animal Ecology, Ural Branch of the Russian Academy of Sciences, Yekaterinburg, *Russia*
**e-mail: dianaiunusova@mail.ru*

Резюме. Анализ пяти хлоропластных и 13 ядерных локусов у четырёх североамериканских видов багульников (*Rhododendron* subsect. *Ledum*) показал, что хлоропластные маркеры отражают сильную географическую структуру: основная доля изменчивости сосредоточена между популяциями внутри видов (F_{SC}=0.562, p <0.001), а не между видами (F_{CT} =0.235, p <0.001). В отличие от них, ядерные маркеры выявляют преимущественно видовую дифференциацию (F_{CT}=0.436, p <0.001). Демографические тесты свидетельствуют о недавней экспансии популяций *R. subarcticum* (Чукотка) и *R. groenlandicum* (Аляска), а также *R. hypoleucum* (Хабаровский край). По данным STRUCTURE, образцы с Аляски имеют примесь генов (доля> 0.2), что указывает на генетический поток между *R. groenlandicum* и *R. subarcticum*.
Ключевые слова: EST-маркеры, ILS, *Ledum*, гибридизация

Abstract. An analysis of five chloroplast and 13 nuclear loci in four North American species of *Rhododendron* subsect. Ledum showed that chloroplast markers reflect strong geographic structure: genetic diversity is mainly concentrated among populations within species (F_{SC} = 0.562, p < 0.001) rather than among species (F_{CT} = 0.235, p < 0.001). In contrast, nuclear markers reveal predominantly species-level differentiation (F_{CT} = 0.436, p < 0.001). Demographic tests indicate recent expansion of populations of *R. subarcticum* (Chukotka) and *R. groenlandicum* (Alaska), as well as *R. hypoleucum* (Khabarovsk Krai). According to STRUCTURE, samples from Alaska show genetic admixture (proportion > 0.2), suggesting gene flow between *R. groenlandicum* and *R. subarcticum.*
Keywords: EST-markers, hybridization, ILS, *Ledum*

Багульники (сем. Ericaceae) – вечнозелёные кустарнички Северного Полушария, еще недавно входившие в отдельный род, в настоящее время включенные в род *Rhododendron* в качестве подсекции *Ledum* [1]. В Северной Америке выделяют от трех до пяти видов [2, 3], что отражает таксономическую сложность этой группы растений. В запутанность проведения межвидовых границ внесло свой вклад несколько факторов: во-первых, номенклатурная путаница, связанная с переносом названий из устаревшего рода *Ledum*, а во-вторых, широкие ареалы представителей подсекции, в пределах которых наблюдается

высокий морфологический полиморфизм, особенно в зоне симпатрии нескольких видов. Ранее [4] мы проводили исследование изменчивости хлоропластной ДНК нескольких видов *Ledum* Евразии и двух видов из Северной Америкии. Было показано, что современная генетическая структура багульников отражает события неполной сортировки генетических линий и\или гибридизации, что затрудняет интерпретацию эволюционной истории группы и проведения видовых границ. В настоящей работе фокус исследования направлен на выявление генетической структуры четырех видов багульников, произрастающих в Северной Америке, с помощью двух типов генетических маркеров - хлоропластной и ядерной ДНК.

Исследовано 11 выборок четырех видов в Северной Америке: *R. groenlandicum* (Oeder) Kron & Judd, *R. columbianum* (Piper) Harmaja, *R. neoglandulosum* Harmaja и *R. subarcticum* Harmaja, а также еще одной выборки *R. subarcticum* из Чукотки и *R. hypoleucum* Harmaja из Приморья. В качестве хлоропластных маркеров были отобраны 5 некодирующих фрагментов: *pet*B-*pet*D, 3′*trn*V (UAC)-*ndh*C, *trn*H-*psb*A, K2R-K707 и *atp*B oligo2 – *rbc*L oligo5. Условия выделения ДНК, амплификации и секвенирования описаны в [4]. Выровненные хлоропластные последовательности были конкатенированы. Для них в среде R [5] построена медианная сеть гаплотипов, посчитаны индексы генетического разнообразия, анализ молекулярной дисперсии AMOVA, демографические тесты на нейтральность (Tajima's D, Fu's Fs). Для анализа ядерной ДНК было отобрано 13 малокопийных локусов фитохромов и EST – *Phy*B, *Phy*E, B1, B3, B5, B6, B7, C12, C14, C16, C18, C26, C63 [6]. Для ядерных локусов в среде R проведено многомерное шкалирование методом главных координат (PCoA). Кластерный анализ проводился в программе STRUCTURE при ΔK от 1 до 10 по 10 повторностей для каждого K, оптимальное число кластеров было определено методом Эванно. Ядерные локусы анализировались как независимые локусы, с последующим усреднением и кодированием вырожденных нуклеотидов по IUPAC, как нефазированные данные.

Длина выравнивания пяти фрагментов хпДНК составила 2369 п.н.. Среди 110 конкатенированных последовательностей. обнаружено 29 гаплотипов, 24 из них оказались видоспецифичными. Пять гаплотипов были общими у нескольких видов: два – у всех американских видов, один – у азиатских, два – у *R. groenlanicum* и азиатских видов. Наиболее генетически разнообразными оказались выборки *R. groenlanicum* из Аляски (№1), *R. subarcticum* из Чукотки (№10), *R. hypoleucum* из Приморья (№11). Остальные выборки багульников из Северной Америки имели более низкие показатели гаплотипического и нуклеотидного разнообразия. Согласно анализу AMOVA дифференциация между видами составила 23% (F_{CT} =0.235, p <0.001).

Анализ 13 ядерных локусов проведён на 58 образцах. Показатели генетического разнообразия варьировали в зависимости от выборки (см. Таблица): нуклеотидное разнообразие составило от 0.046×10^{-3} (*R. groenlandicum*, Чиппева) до 1.038×10^{-3} (*R. subarcticum*, Чукотка). Наблюдаемая гетерозиготность в большинстве выборок была ниже ожидаемой, что может указывать на дефицит гетерозигот, обусловленный инбридингом. Исключение составили выборки *R. groenlandicum* из Чиппевы (Ho = 0.085, He = 0.060) и *R. columbianum* из Орегона (Ho = 0.034, He = 0.026), где наблюдался избыток гетерозигот, что может свидетельствовать о недавнем смешении ранее изолированных линий. Анализ молекулярной дисперсии ядерных маркеров показал иную картину по сравнению с хлоропластным геномом: дифференциация между популяциями внутри видов ниже (F_{SC} = 0.488, p <0.001), тогда как основная доля изменчивости сосредоточена между видами (F_{CT}

= 0.436, $p < 0.001$. Общая дифференциация (F_{ST} = 0.812, p <0.001) свидетельствует о высокой генетической обособленности видов.

Метод главных координат (PCoA) на основе ядерных маркеров выявил кластеризацию образцов на три группы: 1) *R. groenlandicum* 2) *R. columbianum* + *R. neoglandulosum*, 3) *R. subarcticum* + *R. hypoleucum*. Анализ STRUCTURE подтвердил оптимальное число кластеров K = 3 (ΔK = 133.56). Образцы из Аляски (*R. groenlandicum* и *R. subarcticum*) демонстрируют смешанный геномный состав (доля примеси> 0.2), что указывает на генетический поток между видами. Выборки *R. columbianum* и *R. neoglandulosum* не разделились ни в PCoA, ни в STRUCTURE, что отражает их генетическую близость.

Демографические тесты на нейтральность выявили статистически значимые отрицательные значения Tajima's D для хлоропластного генома в популяциях *R. groenlandicum* из Аляски (-2.95, p = 0.003), *R. subarcticum* из Чукотки (-3.48, p = 0.001) и *R. hypoleucum* из Приморья (-2.70, p = 0.007), что указывает на недавнюю демографическую экспансию. Полученные результаты свидетельствуют о постледниковом расширении ареала у части популяций.

Таким образом, хлоропластный и ядерный геномы отражают разные аспекты эволюционной истории багульников: хпДНК демонстрирует сильную географическую структуру и изоляцию популяций, тогда как ядерные маркеры выявляют преимущественно видовую дифференциацию. Совместное использование обоих типов маркеров позволило разделить эффекты исторического расселения (хпДНК) и видообразования с гибридизацией (яДНК), что принципиально важно для понимания таксономии этой сложной группы.

Таблица – Сравнение пяти видов багульников по индексам генетического разнообразия и иерархическому анализу молекулярной дисперсии на основе маркеров ядерного и хлоропластного геномов

№	Вид	Популяция	яДНК				хпДНК			
			N_n	H_o	H_e	$\pi \times 10^{-3}$	N_c	Hap	H_d	$Pi \times 10^{-3}$
1	*R.groenlanicum*	Аляска	2	0.047	0.068	0.003	9	6	0.741	1.193
2		Дуглас	6	0.040	0.071	0.673	8	1	0.000	0.000
3		Вашингтон	9	0.064	0.070	0.100	10	2	0.180	0.086
4		Чиппева	5	0.085	0.060	0.046	8	1	0.000	0.000
5		Тейлор	6	0.053	0.064	0.264	8	2	0.500	0.245
6	*R.columbianum*	Вашингтон	2	0.080	0.053	0.001	2	1	0.000	0.000
7		Орегон	5	0.034	0.026	0.139	7	2	0.180	0.000
8	*R.neoglandulosum*	Вашингтон	10	0.058	0.091	0.859	10	3	0.314	0.000
9	*R.subarcticum*	Аляска	2	0.027	0.093	0.005	3	2	0.444	0.001
10		Чукотка	9	0.042	0.081	1.038	24	7	0.820	0.374
11	*R.hypoleucum*	Приморье	2	0.051	0.102	0.002	21	13	0.889	1.175
F_{CT}			0.436 ($p < 0.001$)				0.235 ($p < 0.001$)			
F_{SC}			0.488 ($p < 0.001$)				0.562 ($p < 0.001$)			
F_{ST}			0.812 ($p < 0.001$)				0.665 ($p < 0.001$)			

Примечания: N_n – количество образцов (яДНК), H_o – наблюдаемая гетерозиготность, H_e – ожидаемая гетерозиготность, π – нуклеотидное разнообразие яДНК, N_c - количество образцов (хпДНК), Hap – количество гаплотипов, H_d – гаплотипическое разнообразие, Pi – нуклеотидное разнообразие хпДНК, F_{CT} - доля изменчивости, объясняемая различиями между видами, F_{SC} - доля изменчивости между популяциями внутри видов, F_{ST} - общая доля изменчивости, объясняемая группировкой, p – статистическая значимость.

Работа выполнена в рамках государственного задания Института экологии растений и животных УрО РАН № 122021000090.

Список литературы

1. Kron KA, Judd WS. Phylogenetic relationships within the *Rhodoreae* (Ericaceae) with specific comments on the placement of *Ledum* // Systematic Botany. 1990. V. 15. P. 57.
2. Savile D.B. Interrelationships of *Ledum* species and their rust parasites in Western Canada and Alaska // Canadian Journal of Botany. 1969. V. 47. P. 1085–1100.
3. Judd WS, Kron KA. *Rhododendron columbianum* // Flora of North America Editorial Committee. ed. Flora of North America North of Mexico. Oxford: Oxford University Press, 2009. P. 459.
4. Iunusova D.R., Polezhaeva M.A., Marchuk E.A. Confusing boundaries of the Labrador tea species: dispersal history explains the lack of clear species structure // Annals of Botany. 2024. V. 134. № 6. P. 959–974.
5. R Core Team. R: A Language and Environment for Statistical Computing. URL: https://www.R-project.org/ (02.05.2026)
6. Wei H., Fu Y., Arora R. Intron-Flanking EST–PCR Markers: From Genetic Marker Development to Gene Structure Analysis in *Rhododendron* // Theoretical and Applied Genetics. 2005. V. 111. № 7. P. 1347–1356.

Информация об авторах:
Юнусова Диана Руслановна, ORCID ID 0000-0003-4724-0952
Полежаева Мария Алексеевна, ORCID ID 0000-0001-9729-2617

DOI: 10.48612/altuhov/2026_02-32

Высокая генетическая дифференциация культур сосны в Армении

Янбаев Ю.А.[1,2]*, Карапетян А.М.[3], Степанян А.С.[3]
[1]Башкирский государственный аграрный университет, Уфа, Россия
[2]Уфимский институт биологии УФИЦ РАН, Уфа, Россия
[2]Институт ботаники Национальной академии наук Армении, Ереван, Армения
**e-mail: Yanbaev_ua@mail.ru*

High genetic differentiation of pine plantations in Armenia

Yanbaev Y.A..[1,2]*, Karapetyan A.V.[3], Stepanyan A.S.[3]
[1]Bashkir State Agrarian University, Ufa, Russia
Ufa Institute of Biology of UFRC of Russian Academy of Sciences, Ufa, Russia
[3]Institute of Botany of National Academy of Sciences of Armenia, Erevan, Armenia
**e-mail: Yanbaev_ua@mail.ru*

Резюме. С использованием набора из 3733 однонуклеотидных полиморфизмов проведен анализ уровня генетической дифференциации лесных культур сосны из Армении. Доля межвыборочной компоненты генетической изменчивости оказалась выше, чем у географически разделенных популяций *Pinus sylvestris* из Германии, России и Черногории. Одной из основных причин этого явления может быть использование при лесоразведении семян и посадочного материала сосен разного таксономического состава и происхождения.
Ключевые слова: Армения, лесные культуры, сосна, генетическая дифференциация

Abstract. The analysis of genetic differentiation of pine plantations from Armenia was carried out using a set of 3733 single nucleotide polymorphisms. The proportion of the inter-sample component of genetic variability was higher compared to geographically separated *Pinus sylvestris* populations from Germany, Russia, and Montenegro. One of the main reasons for this

pattern may be the use in afforestation of pine seeds and planting materials of different taxonomic composition and origin.

Keywords: Armenia, plantations, pine, genetic differentiation

Сосна из Кавказа, имеющая важную роль в поддержании целостности горных экосистем [1], в разные периоды была отнесена к разным таксонам рода, в том числе к сосне Коха (*Pinus kochiana* Klotzsch ex G. Koch) [2, 3]. В условиях Армении ее автохтонные древостои представляют небольшие по площади вкрапления в насаждения других пород. Биогруппы сосны приурочены к экстремальным условиям произрастания – крутым каменистым южным и юго-западным склонам с практически полным отсутствие почвы [1]. Естественные насаждения занимают всего 0,026 % лесопокрытой площади [4]. По этим причинам они, как источники получения семян, имеют ограниченное значение. Семена можно было бы заготавливать в лесных культурах, доля которых в сосновых насаждениях Армении составляет 94.9%. Однако, изучение их генофонда ранее не проводилось. Цель настоящего сообщения – оценить уровень генетической дифференциации искусственных насаждений на фоне межпопуляционной дифференциации *P. sylvestris* из Европы.

Анализируемые в данной работе 8 выборок представляют две географические группы. Первая из них, обозначенная нами AM, представляет четыре лесные культуры из Армении (Am1 - Am4). Они были высажены еще в советский период в центральной, северо-восточной и северо-западной частях страны. Группа 2 (EU) образована природными популяциями сосны обыкновенной из европейской части ареала сосны обыкновенной. В ее составе популяция из Ленинградской области (выборка Ru). Остальные три представлены насаждениями из Черногории (Mne) и Германии (Ger1, Ger2). Деревья Ru, Mne и Ger1 отобраны в географических культурах, а Ger2 в лесосеменной плантации из Германии.

ДНК для анализов выделяли из хвои. Генотипирование растений (24-25 деревьев на выборку, в Am2 - 14) проведено с использованием набора PiSy50k с 47712 однонуклеотидными полиморфизмами [5]. Из этих маркеров, после многоступенчатого контроля качества и фильтрации, нами использованы 3733 SNP. В качестве меры генетической дифференциации выборок использован индекс фиксации Fst.

Европейские выборки, несмотря на сравнительно большие расстояния между насаждениями - источниками происхождения, генетически сравнительно слабо дифференцированы. Среднее значение коэффициента Fst составило значение 0,01528 (попарные величины Fst = 0,01313-0,01781), медиана m = 0,01524, коэффициент вариации 10,9 %). Несмотря на относительно небольшие размеры Армении, уровни параметра для ее лесных культур оказались выше более чем в 1,4 раза (Fst = 0,02186), коэффициент вариации достиг 45,7 %. Изменения показателя варьируются в парах в пределах Fst = 0,01331-0,03819. По медиане генетические различия двух групп выборок выражены в меньшей степени (в AM m = 0,0177). Основной причиной явления повышенности генетической подразделенности армянских лесных культур является присутствие в группе выборки Am1. На рисунке показано, что ее включение в группу европейских выборок также существенно повышает медиану Fst. В существенно меньшей степени этот феномен наблюдается при включении в группу EU, представленных типичной сосной обыкновенной, насаждения Am3. И, наконец, коэффициент генетической подразделенности практически не меняется при попарном включении Am2 и Am4 в европейскую группу выборок.

Кавказ, наряду с рядом другими горными системами, относится к регионам с относительно низким потоком генов между популяциями сосны обыкновенной [6], что может объяснять относительно высокие значения коэффициента Fst.

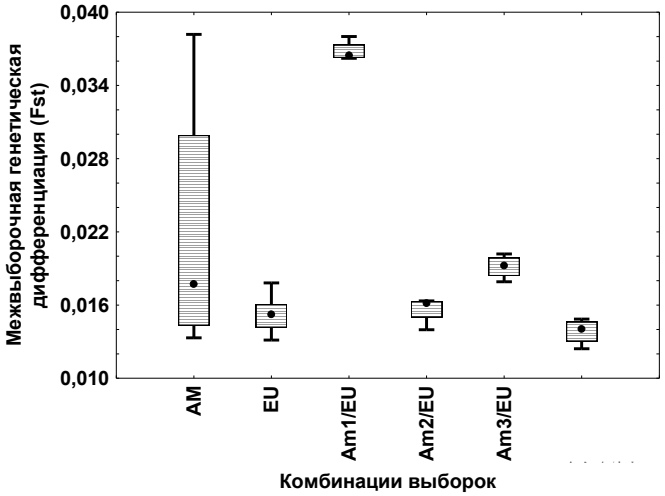


Рисунок – Межвыборочная генетическая дифференциация между насаждениями сосны. Точками и прямоугольниками обозначены медианы и 25 - 75%-ные диапазоны Fst, соответственно. Вертикальными линиями с засечками показаны ее минимальные и максимальные значения. AM и EU - насаждения сосны из Армении и Европы, соответственно.

Применение маркеров митохондриальной и хлоропластной ДНК позволило выявить глубокое расхождение генофондов популяций Кавказа и основной части ареала вида [7]. Однако эти закономерности, выявленные в естественных насаждениях Кавказа, не полностью объясняют обнаруженную нами сравнительно высокие значения индекса Fst для армянских лесных культур. В поисках других причин мы предприняли попытку поиска информации о происхождении изученных искусственных насаждений. К сожалению, документы об истории многих конкретных насаждений (в том числе плантаций Am1 - Am4) после распада СССР утеряны. В то же время, в ряде прежних публикаций нами найдены сведения, что советским поколением лесоводов Армении широко практиковался завоз извне семенного материала для проведения лесокультурных работ. Например, в работе А.К. Абрамян [2] сообщалось, что «третий этап лесокультурных работ начался в 1947-1948 гг. … В культурах были использованы … сосна крючковатая, сосна обыкновенная, сосна крымская» (с. 13). Этот подход подтверждается публикациями о создании смешанных лесных культур с *Pinus nigra* subsp. *pallasiana* [4]. По информации местных лесоводов и средств массовой информации, семенной и посадочный материал сосны завозился также из республик Северного Кавказа, Украины и Белоруссии.

При реализации программ лесовосстановления в Армении необходимо проведение генетической инвентаризации для выявления лесных культур местного происхождения, лучше адаптированных к природно-климатическим условиям страны. Использование для лесосеменного дела искусственных насаждений, созданных при завозе извне семян и посадочного материала разного таксономического состава, создает неопределенность в отношении устойчивости будущих плантаций.

Исследование выполнено в рамках гранта Комитета по высшему образованию и науке Республики Армения 23RL-1F017.

Список литературы

1. Ярошенко Г. Д. Сосна и дуб Армении. Эривань: Наркомзем ССР Армения, 1929. 166 с.

2. Абрамян А. К вопросу о восстановлении и реконструкции лесов верхнего горного пояса Северной Армении // Известия Академии наук Армянской СССР. 1957. Т. № 9. С. 13-24.
3. Абдурахманова З.И. Сосновые леса Дагестана: классификация и распространение: автореферат дис. ... канд. биол. наук. Санкт-Петербург, 2021. 25 с.
4. Alaverdyan A. Z. Forest formation of *Pinus hamata* (Steven) Sosn. in Ijevan Region // Takhtajania. 2002. V. 14. P. 103–104.
5. Kastally C., Niskanen A.K., Perry A. et al. Taming the massive genome of Scots pine with PiSy50k, a new genotyping array for conifer research // Plant J. 2022, V. 109. P. 1337–1350. DOI: 10.1111/tpj.15628
6. Bruxaux J., Zhao W., Hall D. et al. Scots pine—Panmixia and the elusive signal of genetic adaptation // New Phytol. 2024. V. 243. P. 1231–1246. DOI: 10.1111/nph.19563.
7. Semerikov N.V., Petrova I.V., Sannikov S.N. et al. Cytoplasmic DNA variation does not support a recent contribution of *Pinus sylvestris* L. from the Caucasus to the main range // Tree Genet. Genomes. 2020. V. 16. https://doi.org/10.1007/s11295-020-01458-8.

Информация об авторах:
Янбаев Юлай Аглямович, ORCID ID 0000-0003-1039-5344
Карапетян Арег Месропович, ORCID 0000-0001-9355-0420
Степанян Ануш Степановна, ORCID ID 000-0002-3203-4227

DOI: 10.48612/altuhov/2026_03-01

Генетическая структура и популяционные связи населения юга России в I тысячелетии нашей эры

Арамова О.Ю.[1,2]*

[1]*Южный научный центр РАН, Ростов-на-Дону, Россия*

[2]*Южный федеральный университет, Ростов-на-Дону, Россия*

**e-mail: aramova.olya@mail.ru*

Genetic structure and population affinities of the Southern Russian population in the 1st millennium AD

Aramova O.Yu.[1,2]*

[1]*Southern Scientific Centre of the Russian Academy of Sciences, Rostov-on-Don, Russia*

[2]*Southern Federal University, Rostov-on-Don, Russia*

**e-mail: aramova.olya@mail.ru*

Резюме. В работе представлены результаты комплексного анализа генетической структуры древнего населения юга России I тысячелетия н. э. на основе исследования унипарентальных и аутосомных маркеров ДНК. Установлена выраженная популяционная неоднородность представителей сарматской, меотской культур и кочевого населения Хазарского каганата, отражающая специфику миграционных процессов в степной зоне Евразии. Выявленные генетические профили и фенотипические характеристики позволяют объективно реконструировать биологическую историю региона и верифицировать механизмы формирования генофонда современных популяций.

Ключевые слова: палеогенетика, генетическая структура, юг России, сарматы, меоты, хазары, гаплогруппа

Abstract. This study presents the results of a comprehensive analysis regarding the genetic structure of the ancient population of Southern Russia during the 1st millennium AD, based on the investigation of uniparental and autosomal DNA markers. Pronounced population heterogeneity was established among representatives of the Sarmatian and Meotian cultures, as well as the nomadic population of the Khazar Khaganate, reflecting the specific nature of migration processes within the Eurasian steppe zone. The identified genetic profiles and phenotypic characteristics allow for an objective reconstruction of the region's biological history and verify the mechanisms underlying the formation of the gene pool of modern populations.

Keywords: paleogenetics, genetic structure, Southern Russia, Sarmatians, Maeotae, Khazars, haplogroup

Изучение генетической структуры палеопопуляций, населявших степные пространства юга России в I тысячелетии н. э., является стратегически важной задачей для восстановления объективной популяционной истории региона. Данный хронологический этап характеризуется интенсивными миграционными потоками, обусловленными Великим переселением народов и масштабной трансформацией генетического ландшафта. В условиях дискретности археологических и дефицита письменных источников молекулярно-генетический анализ становится фундаментальным инструментом верификации демографической динамики и оценки биологического родства внутри древних общностей. Цель исследования заключается в комплексном анализе

полиморфизма и популяционных характеристик маркеров аутосомной ДНК, Y-хромосомы и мтДНК представителей древнего населения юга России указанного периода.

Объектом исследования послужили фрагменты скелетов из курганных могильников юга России: представители сарматских культур (n=12), меотской культуры Нижнего Дона (n=34) и кочевого населения Хазарского каганата (n=11). Лабораторный этап включал применение авторского метода деконтаминации костных фрагментов, позволяющего эффективно элиминировать экзогенную ДНК в условиях высокой степени загрязнения [1]. Экстракция ДНК проводилась фенол-хлороформным методом. Генетическая структура анализировалась по маркерам аутосомной ДНК (STR-локусы), Y-хромосомы, гипервариабельных регионов мтДНК (*HV1, HV2*), а также однонуклеотидных полиморфизмов (SNP), ассоциированных с фенотипическими признаками (цвет кожи, глаз, волос). Статистическая обработка данных проводилась с использованием пакетов GenAlEx, YHRD, EMPOP и алгоритмов расчета коэффициента правдоподобия гипотез (LR).

Анализ аутосомных микросателлитных маркеров выявил специфические популяционные характеристики: для сарматской выборки характерна умеренная генетическая вариабельность (PD 0,676), что может указывать на определенную степень родственной близости внутри исследуемых групп [2]. Напротив, меотская культура продемонстрировала высокую степень гетерогенности, несмотря на выраженную деградацию биоматериала.

Патрилинейные маркеры (Y-хромосома) свидетельствуют о сложной генетической структуре древних обществ. В сарматской выборке доминируют восточноазиатские субклады (гаплогруппы O и Q), при наличии евразийских компонентов (гаплогруппы I2, L38, N1a1). Генетическая структура меотского населения характеризуется преобладанием ближневосточного и кавказского компонентов (гаплогруппы R1a, G2a2), что коррелирует с их оседлым образом жизни, однако обнаружение азиатских гаплотипов (L1b, Q) указывает на интеграцию кочевых признаков в меотское общество. Для населения Хазарского каганата установлена выраженная патрилинейная неоднородность с преобладанием центрально- и восточноазиатских гаплогрупп (Q, C2b, N1a) при сохранении евразийских линий (R1a, R1b, G2a).

Данные по мтДНК подтверждают выявленные закономерности. У сарматов зафиксировано доминирование азиатских субкладов (62,5%: U2e, R9b, M42), в то время как меотское население в 63,2% случаев представлено европейскими гаплогруппами (субклады H, J1c, U2e). Генетический портрет хазарского кочевого населения характеризуется синтезом восточноазиатских линий (D4, C4a) и европейских субкладов (H1a, H2a).

Оценка генетической связи с современными метапопуляциями (анализ LR) показала, что сарматские генотипы обнаруживают наибольшую близость к населению Центральной и Южной Азии. Меотская выборка демонстрирует связь с европейскими популяциями, а хазарская – сложный генетический профиль, объединяющий ближневосточные, восточноазиатские и европейские компоненты [3].

ДНК-фенотипирование позволило реконструировать внешний облик древнего населения. Для 81,8% представителей хазарского времени характерны темная пигментация кожи, волос и глаз. При этом выявлены индивиды с нетипичными чертами (светло-голубые глаза, светлые волосы), что подтверждает популяционную вариабельность Хазарского каганата, описанную в исторических источниках как деление на «белых» и «черных» хазар [4, 5]. Меотское население отличалось стабильно темной пигментацией при высокой генетической гетерогенности.

Генетическая структура населения юга России I тыс. н. э. характеризуется

выраженной неоднородностью, отражающей пересечение генетических линий из различных регионов Евразии на одной территории. Полученные результаты позволяют объективно реконструировать биологическую историю региона и установить прямой вклад древних сообществ в формирование генофонда современного населения.

Список литературы

1. Корниенко И.В., Фалеева Т.Г., Арамова О.Ю. Композиция для удаления ДНК и/или РНК-содержащего биологического материала: Патент № 2789387 C1 Российская Федерация. 2023.
2. Вдовченков Е.В., Арамова О.Ю., Востриков С.С. и др. Палеогенетическое исследование населения сарматской культуры на территории Нижнего Дона (по материалам могильника Черкасов) // Материалы по археологии и истории античного и средневекового Причерноморья. 2025. № 19. С. 316–328. DOI: 10.53737/2713-2021.2025.20.56.013
3. Арамова О.Ю. Генетическая структура древнего населения юга России I тысячелетия нашей эры: Дис. ... канд. биол. наук. Ростов-на-Дону: ЮФУ, 2024, 189 с.
4. Батиева Е.Ф. Антропология населения Нижнего Подонья в хазарское время // Донская археология. 2002. № 3–4. С. 71–101.
5. Фесенко Д.О., Арамова О.Ю., Вдовченков Е.В. и др. ДНК-фенотипирование останков из элитных погребений юга России хазарского времени // Молекулярная биология. 2023. Т. 57. № 4. С. 597–608. DOI: 10.31857/S0026898423040055

Информация об авторах:
Арамова Ольга Юрьевна, ORCID ID 0000-0002-9174-2338

DOI: 10.48612/altuhov/2026_03-02

Популяционная распространенность тяжелых первичных иммунодефицитов Т- и В-клеток на основании ретроспективного скрининга новорожденных 2021 года Удмуртской Республики

Балинова Н.В.[1]*, Марахонов А.В.[1], Ефимова И.Ю.[1], Мухина А.А.[1,2], Першин Д.Е.[2], Бобрешова А.М.[1], Осипова Е.В.[3], Кузнецова О.П.[3], Китова Е.В.[3], Щербинина А.Ю.[2], Куцев С.И.[1], Воронин С.В.[1]

[1]Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Медико-генетический научный центр им. академика Н.П. Бочкова», Москва, Россия

[2]Национальный медицинский исследовательский центр детской гематологии, онкологии и иммунологии им. Дмитрия Рогачева, Москва, Россия

[3]Бюджетное учреждение здравоохранения Удмуртской Республики "Первая республиканская клиническая больница Министерства здравоохранения Удмуртской Республики", Ижевск, Россия

**e-mail: balinovs@mail.ru*

Population prevalence of severe primary T- and B-cell immunodeficiencies based on retrospective newborn screening in 2021 in the Udmurt Republic

Balinova N.V.[1]*, Marakhonov A.V.[1], Efimova I.Yu.[1], Mukhina A.A.[1,2], Pershin D.E.[2], Bobreshova A.M.[1], Osipova E.V.[3], Kuznetsova O.P.[3], Kitova E.V.[3], Shcherbina A.Yu.[2], Kutsev S.I.[1], Voronin S.V.[1]

[1] Research Centre for Medical Genetics, Moscow, Russia

[2] Dmitry Rogachev National Medical Research Center of Pediatric Hematology, Oncology and Immunology, Moscow, Russia

[3] First Republican Clinical Hospital of the Ministry of Health of the Udmurt Republic, Izhevsk, Russia

**e-mail: balinovs@mail.ru*

Резюме. С января 2023 года в Российской Федерации действует программа расширенного скрининга новорожденных (РНС), охватывающая 36 наследственных заболеваний, включая тяжелые первичные иммунодефициты Т- и В-клеток (врожденные нарушения иммунитета, ВНИ) и спинальную мышечную атрофию 5q (СМА 5q). Настоящее исследование было инициировано в связи с высокой региональной заболеваемостью СМА 5q и отсутствием выявления первичных иммунодефицитов у новорожденных с помощью РНС в Удмуртской Республике, одном из регионов Российской Федерации. Данное ретроспективное исследование включало 14 631 новорожденного, родившегося в 2021 году, и было направлено на независимую оценку эффективности программы РНС, оценку целостности биологического материала после трех лет хранения и уточнение эпидемиологии тяжелых первичных иммунодефицитов в регионе.
Ключевые слова: скрининг новорожденных, иммунодефициты, TREC, KREC, ПИД

Abstract. Since January 2023, the Russian Federation has implemented an Expanded Newborn Screening (ENBS) program covering 36 hereditary disorders, including severe T- and B-cell primary immunodeficiencies (inborn errors of immunity, IEI) and 5q spinal muscular atrophy (5q SMA). The present study was initiated due to the high regional incidence of 5q SMA and the absence of neonatal PID detection through ENBS in the Udmurt Republic, one of the regions of the Russian Federation. This retrospective analysis included 14,631 newborns born in 2021 and aimed to independently evaluate the performance of the ENBS program, assess the integrity of biological material after three years of storage, and refine the epidemiology of severe PIDs in the region. The complete concordance of population-level TREC and KREC distribution patterns obtained from 2021 samples with those from the 2022 pilot study (analyzed at the time of collection) confirms the suitability of three-year stored samples for TREC and KREC analysis.
Keywords: newborn screening, primary immunodeficiencies, PID, TREC, KREC

На территории Российской Федерации расширенный неонатальный скрининг (РНС) на 36 наследственных заболеваний, включающий тяжелые формы Т- и В-клеточные первичные иммунодефициты (ПИД) и 5q спинальную мышечную атрофию (5q СМА) стартовал с начала 2023 года. По результатам первых лет выявлена более высокая частота 5q СМА на территории Республики Удмуртия (1:2509) по сравнению с общероссийским уровнем (1:10177) по данным 2023 г. Однако, РНС за 2023-2024 гг. в Республике Удмуртия не выявил ни одного случая ПИД [1].

Учитывая высокую региональную частоту 5q СМА и нулевую выявляемость ПИД в первые годы после внедрения РНС, было принято решение о проведении ретроспективного анализа, родившихся в Республике Удмуртия в 2021 году. Это позволило осуществить независимый контроль качества РНС, проверить пригодность трехлетних архивных образцов сухих пятен крови и оценить реальную распространенность тяжелых ПИД в регионе.

Суммарная численность новорожденных, прошедших скрининг, составляет 14631 человек, биологический материал которых хранится в неонатальных отделениях различных медицинских учреждений Удмуртской Республики РФ в виде сухих пятен крови, за период с 01.01.2021 по 31.12.2021 г.

Тесты NBS выполнялись с использованием набора Eonis™ SCID-SMA (Wallac Oy, Turku, Finland), предназначенного для полуколичественного определения TREC и KREC, а также качественного обнаружения делеции экзона 7 гена SMN1 и гена RPP30 (Рибонуклеаза PMRP Субъединица P30) в качестве внутреннего референса. Положительные результаты скрининга требовали валидации, которая включала изучение семейного анамнеза, клиническое обследование ребенка, анализ субпопуляций лимфоцитов с помощью проточной цитометрии (FC) и повторное тестирование TREC/KREC в цельной крови. Новорожденные с подозрением/диагностированным ПИД по результатам валидации методом проточной цитометрии подвергались молекулярно-генетическому тестированию. Первоначальный этап включал анализ мультиплексной

лигаза-зависимой амплификации (MLPA) для выявления делеции 22q11.2 с использованием набора SALSA MLPA Probenix P250 DiGeorge (MRC Holland, Нидерланды) в соответствии с рекомендациями производителя. Если результаты анализа MLPA были нормальными, проводилось полногеномное секвенирование (WGS) ДНК пациентов.

Так как набор Eonis™ SCID-SMA включает не только определение уровня TREC и KREC, а также качественного обнаружения делеции экзона 7 гена SMN1, в результате тестирования 14631 образцов была оценена встречаемость 5q-ассоциированной спинальной мышечной атрофии среди новорожденных по данным настоящего исследования, которая составила 1:4877 новорожденных (95%ДИ: 1:1669–1:23648), что позволяет говорить о достоверно более высокой частоте встречаемости 5q СМА у детей из Республики Удмуртия [2].

Анализ уровней TREC и KREC 14631 образцов выявил 37 новорожденных со значениями ниже референсных. При повторном тестировании 14 подтвердили отклонения. Полное обследование, включая иммунофенотипирование и молекулярно-генетическую диагностику, завершили 10 детей из 14, имеющих TREC и KREC ниже референсных значений, так как трое умерли на момент проведения обследования, и один ребенок выбыл из-под наблюдения. По результатам диагностики у 3 из 10 обследованных трехлетних детей была подтверждена Т-клеточная лимфопения. У двоих из этих трёх детей методом MLPA был верифицирован синдром делеции хромосомы 22q11.2 (синдром ДиДжорджи). У одного ребенка с признаками лимфопении не выявлено патогенных вариантов в известных генах ПИД при полногеномном секвенировании; данному пациенту был установлен диагноз идиопатической лимфопении.

Подобные ретроспективные исследования являются важными инструментами для контроля эффективности проводимых мероприятий по РНС. Бланки с сухими пятнами крови, находящиеся на хранении в регионах, могут успешно использоваться спустя три года. Скорректированы данные о популяционной частоте ПИД в данном регионе.

Исследование выполнено в рамках Госзадания Минобрнауки РФ.

Список литературы

1. С.В. Воронин, Е.Ю. Захарова, Г.В. Байдакова, А.В. Марахонов, О.А. Щагина, О.П. Рыжкова, Н.В. Шилова, А.Г. Румянцев, А.Ю. Щербина, А.А. Мухина, Г.А. Новичкова, Е.Л. Шешко, В.В. Сахарова, Е.А. Ляхова, И.Ю. Ефимова, С.И. Куцев. Расширенный неонатальный скрининг на наследственные заболевания в России: первые итоги и перспективы. Педиатрия им. Г.Н. Сперанского. 2024. 103(1). С. 16-29. DOI: 10.24110/0031-403X-2024-103-1-16-29
2. А.В. Марахонов, И.Ю. Ефимова, Н.В. Балинова, М.А. Аххямова, Е.В. Осипова, О.П. Кузнецова, О.А. Щагина, А.В. Поляков, Р.А. Зинченко, С.В. Воронин, С.И. Куцев. Результаты ретроспективного массового обследования детей 2021 года рождения на спинальную мышечную атрофию 5q в Удмуртской Республике. Педиатрия им. Г.Н. Сперанского. 2025. 104 (3). С. 114-120. – DOI: 10.24110/0031-403X-2025-104-3-114-120

Информация об авторах:
Балинова Наталья Валерьевна, ORCID ID 0000-0001-9493-6544
Марахонов Андрей Владимирович, ORCID ID 0000-0002-0972-5118
Ефимова Ирина Юрьевна, ORCID ID 0000-0003-4672-1447
Мухина Анна Александровна, ORCID ID 0000-0002-3305-1694
Першин Дмитрий Евгеньевич, ORCID ID 0000-0002-6148-7209
Бобрешова Анастасия Михайловна, ORCID ID 0009-0001-3476-053X
Осипова Екатерина Валерьевна, ORCID ID 0009-0005-1925-0880
Кузнецова Ольга Петровна, ORCID ID 0009-0006-2941-2289
Китова Екатерина Владимировна
Щербинина Анна Юрьевна, ORCID ID 0000-0002-3113-4939
Куцев Сергей Иванович, ORCID ID 0000-0002-3133-8018
Воронин Сергей Владимирович, ORCID ID 0000-0002-9918-9565

DOI: 10.48612/altuhov/2026_03-03

Анализ полиморфизма генов репарации ДНК и антиоксидантной защиты при РМЖ в чеченской популяции

Бисултанова З.И.*, Джамбетова П.М.
Чеченский государственный университет им. А.А. Кадырова, Грозный, Россия
**e-mail: petimat-lg@rambler.ru*

Analysis of DNA Repair and Antioxidant Defense Gene Polymorphisms in Breast Cancer in the Chechen Population

Bisultanova Z.I. [1] *, Zhambetova P.M. [1]
A.A. Kadyrov Chechen State University, Grozny, Russia
**e-mail: petimat-lg@rambler.ru*

Резюме. Исследовано распределение полиморфизмов генов антиоксидантной защиты (*CAT*) и репарации ДНК (*XRCC1*, *XPD)* методом ARMS-генотипирования и их вклад в риск развития рака молочной железы (РМЖ) у женщин чеченской популяции. Анализ отдельных полиморфизмов выявил отсутствие или незначительный вклад в риск РМЖ. Гаплотипический анализ *XPD* (Asp312Asn + Lys751Gln) продемонстрировал достоверное повышение риска РМЖ для носителей гаплотипа CC/TG и комбинации гаплотипов TC/GG + CC/TG. Гаплотипический анализ выявляет ассоциации, не детектируемые при исследовании отдельных полиморфизмов, что подтверждает необходимость оценки комбинаций аллелей генов репарации ДНК для определения генетической предрасположенности к РМЖ.
Ключевые слова: РМЖ, гены антиоксидантной защиты, гены репарации, гаплотипический анализ

Abstract. The distribution of polymorphisms in genes involved in antioxidant defense (*CAT*) and DNA repair (*XRCC1, XPD*) was investigated using ARMS genotyping, as was their contribution to the risk of developing breast cancer (BC) in women of the Chechen population. Analysis of individual polymorphisms revealed either an absence of association or a negligible contribution to BC risk. Haplotype analysis of *XPD* (Asp312Asn + Lys751Gln) demonstrated a statistically significant increase in BC risk for carriers of the CC/TG haplotype and the haplotype combination TC/GG + CC/TG. Haplotype analysis reveals associations that are undetectable when examining individual polymorphisms, thereby confirming the necessity of assessing combinations of DNA repair gene alleles to determine genetic predisposition to BC.
Keywords: breast cancer, antioxidant defense genes, DNA repair genes, haplotype analysis

Рак молочной железы (РМЖ) – мультифакторное заболевание, в возникновении которого важная роль принадлежит нарушениям в системах репарации ДНК и антиоксидантной защиты (АОЗ). Ключевым звеном патогенеза РМЖ является дисбаланс в системе «оксидантный стресс — антиоксидантная защита», приводящий к избыточному накоплению активных форм кислорода (АФК). АФК индуцируют широкий спектр повреждений ДНК, включая окислительные модификации оснований и одноцепочечные разрывы. Элиминация таких повреждений практически полностью зависит от систем эксцизионной репарации оснований, ключевыми компонентами которой являются белки XRCC1 и ERCC2/XPD. Таким образом, эффективность антиоксидантной защиты определяет исходный уровень окислительной нагрузки на геном, тогда как функциональная полноценность систем репарации ДНК – скорость и точность восстановления уже возникших окислительных повреждений. Нарушения в любом из этих взаимосвязанных звеньев (снижение активности АОЗ или полиморфные дефекты генов

репарации) приводят к накоплению соматических мутаций, геномной нестабильности и, в конечном итоге, к злокачественной трансформации. Таким образом, системы антиоксидантной защиты и репарации ДНК образуют единый механизм поддержания генетического гомеостаза, и их сочетанные генетические полиморфизмы могут оказывать синергидный эффект на риск развития РМЖ. Данные многочисленных исследований убедительно демонстрируют, что этническая стратификация является критически важным фактором при оценке генетических маркеров риска, а отсутствие данных по чеченской популяции обосновывают необходимость их изучения для оценки риска РМЖ.

Цель исследования – изучить распределение полиморфизмов генов *CAT*, *XRCC1* и *XPD* и их вклад в риск развития РМЖ у женщин чеченской популяции.

Для поиска ассоциаций были сформированы две группы: группа «случай» (женщины с верифицированным диагнозом РМЖ) и контрольная группа (женщины без онкологических заболеваний в анамнезе). Группы были сопоставимы по возрасту. От каждой участницы получено информированное согласие, а также собраны анкетные данные.

Генотипирование шести однонуклеотидных полиморфизмов (ОНП) выполнено методом амплификации рефрактерной мутационной системы (amplification refractory mutation system, ARMS): rs13181 и rs1799793 гена *ERCC2* (*XPD*), rs4756146 и rs1001179 гена *CAT*; rs1799782 и rs25487 гена *XRCC1*. Распределение генотипов в изучаемых группах соответствовало равновесию Харди-Вайнберга ($p > 0.05$), что свидетельствует о репрезентативности выборки. Статистический анализ включал расчёт отношения шансов – OR и 95% CI с использованием критерия Фишера.

Ген *CAT*. Полиморфизм *CAT* rs4756146 не показал статистически значимой ассоциации с риском развития РМЖ в изученной популяции. Некоторое увеличение частоты гомозиготного генотипа CC в группе «случай» (1.94% против 1.67%) может указывать на возможный рецессивный эффект, требующий подтверждения на расширенной выборке.

CT-генотип другого полиморфизма гена *CAT*: rs1001179 показывает слабую тенденцию к риску развития РМЖ (ОШ = 1.26, но $p > 0.05$), тогда как TT-генотип проявляет слабый протекторный эффект (ОШ = 0.36, с широким ДИ широкий (0.10 – 1.26), $p > 0.05$). Таким образом, что несмотря на то, что не было выявлено ассоциации rs1001179 с риском развития РМЖ, направление эффектов (CT → риск, TT → защита) в изученных группах согласуются с подобными исследованиями.

Ген *XRCC1*: Распределение генотипов полиморфного варианта rs25487 гена репарации *XRCC1* в изучаемых группах женщин показывает отсутствие значимой ассоциации полиморфизма с риском развития РМЖ. Наблюдаемое увеличение частоты CC при РМЖ (39.52% против 34.74%), незначительно ($p > 0.05$), несмотря на ОШ = 1.23 (ДИ 0.81 – 1.87).

Для варианта Arg194Trp (rs1799782) в рецессивной модели отмечено кратное увеличение риска для носителей генотипа AA (ОШ = 5.23), однако из-за низкой частоты встречаемости результат не достиг порога статистической значимости и требует дальнейшего изучения.

Ген *XPD*: Индивидуальные ОНП гена *XPD* (Asp312Asn и Lys751Gln) не продемонстрировали достоверной связи с заболеванием при раздельном анализе. Вместе с тем, направление эффекта полиморфного варианта Asp312Asn (T-аллель → протекция) может заслуживать проверки на большей выборке.

Установлено, что значимый вклад в предрасположенность вносит межгенное взаимодействие. Гаплотипический анализ *XPD* (Asp312Asn + Lys751Gln) выявил статистически значимое повышение риска для носителей гаплотипа CC/TG (ОШ = 2.14; p = 0.017) и комбинации TC/GG + CC/TG (ОШ = 2.65; 95% ДИ 1.12 – 6.28; p = 0.029). Это указывает на эпистатический или гаплотип-специфичный эффект полиморфизмов *XPD*, который не детектируется при анализе отдельных локусов.

Ожидаемые частоты гаплотипов гена *CAT* для полиморфизмов rs4756146 и rs1001179, практически не различались между группой РМЖ и контролем (максимальное отклонение 0.5%). Наиболее частым оказался гаплотип T-C (71 – 72%), наименее частым – C-T (~2.2%). Сопоставление ожидаемых частот с реальным распределением генотипов не выявило существенного неравновесного сцепления (LD) между данными локусами в изученной популяции.

Результаты нашего исследования выявили, что отдельные однонуклеотидные полиморфизмы могут характеризоваться незначительным вкладом в риск развития РМЖ. Анализ отдельных полиморфизмов генов *CAT* (rs4756146, rs1001179), *XRCC1* (Arg194Trp, Arg399Gln) и *XPD* (Asp312Asn, Lys751Gln) статистически значимых ассоциаций с риском рака молочной железы не выявил. Однако гаплотипический анализ *XPD* (Asp312Asn + Lys751Gln) продемонстрировал достоверное повышение риска РМЖ для носителей гаплотипа CC/TG (ОШ = 2.14; 95% ДИ: 1.16 – 3.95; p = 0.017) и комбинации гаплотипов TC/GG + CC/TG (ОШ = 2.65; 95% ДИ: 1.12 – 6.28; p = 0.029).

Таким образом, гаплотипический анализ выявляет ассоциации, не детектируемые при исследовании отдельных полиморфизмов, что подтверждает необходимость оценки комбинаций аллелей генов репарации ДНК для определения генетической предрасположенности к РМЖ в изученной популяции. Гаплотипы *CAT* и *XRCC1* значимого эффекта не показали. Полученные данные могут быть использованы для разработки панелей персонализированного генетического скрининга в регионе.

Информация об авторах:
Бисултанова Зура Исановна, ORCID ID 0000-0002-3925-8004
Джамбетова Петимат Махмудовна, ORCID ID 0000-0002-6431-4549

DOI: 10.48612/altuhov/2026_03-04

Ассоциация полиморфных вариантов T58C и C60T гена *MnSOD2* с риском развития рака молочной железы у женщин Кабардино-Балкарской Республики

Биттуева М.М.*, Боготова З.И., Ахметова Ф.М., Настаева С.Р.
Кабардино-Балкарский Государственный университет им. Х.М. Бербекова, г. Нальчик, КБР, Россия
**e-mail: madina.bittueva@mail.ru*

Association of *MnSOD2* gene T58C and C60T polymorphisms with breast cancer risk among women in the Kabardino-Balkarian Republic

Bittueva M.M.*, Bogotova Z.I., Akhmetova F.M., Nastaeva S.R.
Kabardino-Balkarian State University named after H.M. Berbekov, Nalchik, Kabardino-Balkarian Republic, Russia
**e-mail: madina.bittueva@mail.ru*

Резюме. Проведен молекулярно-генетический анализ образцов ДНК 81 пациентов с РМЖ и 84 женщин контрольной группы (жительниц КБР). Оценены частоты генотипов по T58C и C60T. По полиморфизму T58C статистически значимых различий не выявлено. При анализе полиморфизма C60T установлено, что гетерозиготный генотип C/T встречается у больных РМЖ в 5 раз чаще, чем в контроле (12.2% против 2.4%; p <0.05).
Ключевые слова: рак молочной железы (РМЖ), Кабардино-Балкарская республика (КБР), ген супероксиддисмутазы *MnSOD2*, варианты T58C, C60T, генотипы rs4880, rs2758331, канцерогенез, окислительный стресс

Abstract. A molecular genetic analysis of DNA samples from 81 patients with breast cancer and 84 women in the control group (residents of the Kabardino-Balkarian Republic) was conducted. The frequencies of the T58C and C60T genotypes were assessed. No statistically significant differences were found for the T58C polymorphism. Analysis of the C60T polymorphism revealed that the heterozygous C/T genotype is 5 times more common in patients with breast cancer than in controls (12.2% versus 2.4%; p <0.05).
Keywords: breast cancer (BC), Kabardino-Balkarian Republic (KBR), superoxide dismutase gene *MnSOD2*, variants T58C, C60T, genotypes rs4880, rs2758331, carcinogenesis, oxidative stress

Рак молочной железы (РМЖ) сохраняет лидирующие позиции в структуре онкологической заболеваемости среди женского населения, как в Российской Федерации, так и в мире. Ежегодно регистрируется более 20 миллионов новых случаев, и к 2050 году, по прогнозам IARC, этот показатель может достичь 35 миллионов человек.

Наряду с клиническими факторами риска (возраст, гормональный статус, модифицируемые факторы образа жизни), все большее значение придается генетической предрасположенности. Особый интерес представляют полиморфизмы генов антиоксидантной защиты, поскольку хронический окислительный стресс и нарушение баланса активных форм кислорода играют значимую роль в канцерогенезе.

Фермент MnSOD (митохондриальная супероксиддисмутаза), кодируемый геном *MnSOD2*, обеспечивает первую линию защиты от супероксид-аниона. Полиморфные варианты T58C и C60T могут изменять активность фермента и, предположительно, влиять на риск развития канцерогенеза. Однако для многих регионов, включая Кабардино-Балкарскую Республику такие данные отсутствуют.

Цель исследования – изучить распределение аллелей и генотипов полиморфных вариантов T58C и C60T гена *MnSOD2* у больных РМЖ и здоровых женщин в популяции КБР и оценить ассоциацию данных полиморфизмов с риском заболевания.

В исследование включены 165 женщин – жительниц КБР, сопоставимых по возрасту (средний возраст 52.3±6.7 года). Основную группу составили 81 пациентка с верифицированным диагнозом РМЖ (стадии I-III), контрольную группу – 84 практически здоровые женщины без онкологических заболеваний в анамнезе. У всех участников получено информированное согласие.

Генотипирование полиморфизмов T58C (rs4880) и C60T (rs2758331) гена *MnSOD2* проводили методом аллель специфичной ПЦР с последующей детекцией продуктов амплификации в агарозном геле. Для оценки соответствия распределения генотипов равновесию Харди-Вайнберга применяли критерий χ^2. Различие частот между группами оценивали с помощью точного критерия Фишера, отношение шансов (OR) и 95% доверительный интервал. Критический уровень значимости принимали $p = 0.05$.

Полиморфизм T58C. В группе РМЖ частота генотипов составила: T/T – 75.3% (61 человек), T/C – 22.2% (18 человек), C/C – 2.5% (2 человека). В контрольной группе: T/T –

76.2% (64 человека), T/C – 23.8% (18 человек), C/C – 0%. Межгрупповые различия не достигали статистической значимости (χ^2 = 1.42, p = 0.23). Мутантный гомозиготный генотип C/C встречался только у пациенток с РМЖ, но ввиду малой частоты (2.5%) выводы о его вкладе требуют подтверждения на большей выборке.

Полиморфизм C60T. В группе РМЖ нормальный гомозиготный генотип C/C выявлен в 85.1% случаев (63 пациента), гетерозиготный C/T – в 12.2% (9 пациентов), мутантный гомозиготный T/T – 2.7% (2 пациента). В контрольной группе генотип C/C встречался в 97.6% (81 человек), тогда как гетерозиготный C/T – лишь в 2.4% (2 человека). Мутантный гомозиготный генотип T/T в контрольной группе не обнаружен.

Различие в распределении генотипов между группами были высоко значимыми (p=0.008 по критерию Фишера). Гетерозиготный генотип C/T встречался у больных РМЖ в 5 раз чаще чем у здоровых (12.2% против 2.4%). Отношение шансов для носительства хотя бы одного аллеля T (C/T + T/T) составило OR = 6.1 (95%, p=0.009).

Выявленное преобладание гетерозигот C60T среди пациенток с РМЖ позволяет предположить, что данный полиморфный вариант гена *MnSOD2* может быть связан с умеренным снижением антиоксидантной защиты митохондрий, что в условиях хронического окислительного стресса создает благоприятный фон для инициации и прогрессии опухолевого роста. Полученные данные расширяют представления о популяционной специфичности молекулярно-генетических маркеров онкологического риска и впервые представлены для популяции Кабардино-Балкарии.

Исследование выполнено при финансовой поддержке Внутреннего гранта КБГУ (Договор № 54), в рамках программы «Приоритет 2030».

Информация об авторах:
Биттуева Мадина Мухаматовна, ORCID ID 0009-0001-6361-4865
Боготова Залина Ихсановна, ORCID ID 0000-0002-9123-224X
Ахметова Фарида Махтиевна, ORCID ID 0009-0002-8547-9737
Настаева Саида Рамазановна, ORCID ID 0009-0004-2092-5577

DOI: 10.48612/altuhov/2026_03-05

Частота полиморфизма гена *LCT* (rs4988235) в когорте пациентов из Приморского края

Воронова А.Н.*, Плехова Н.Г.
Тихоокеанский государственный медицинский университет Минздрава России, Владивосток, Россия
**e-mail: voronova.an@tgmu.ru*

Frequency of the LCT gene polymorphism (rs4988235) in a group of patients from Primorsky Krai

Voronova A.N.*, Plekhova N.G.
Pacific State Medical University, Vladivostok, Russia
**e-mail: voronova.an@tgmu.ru*

Резюме. Впервые для жителей Приморского края установлена высокая частота гетерозиготного генотипа C/T по полиморфизму rs4988235 гена *LCT*. Полученные данные согласуются с широтным градиентом увеличения частоты аллеля гиполактазии с запада на восток Евразии и свидетельствуют о необходимости дальнейших популяционно-генетических исследований в регионе.

Ключевые слова: LCT, rs4988235, полиморфизм, гиполактазия, Приморский край

Abstract. For the first time, a high frequency of the heterozygous C/T genotype of the rs4988235 polymorphism of the *LCT* gene has been established in the population of Primorsky Krai. The obtained data are consistent with the latitudinal gradient of the hypolactasia allele frequency increasing from west to east across Eurasia and highlight the need for further population genetic studies in the region.
Keywords: LCT, rs4988235, polymorphism, hypolactasia, Primorsky Krai

Полиморфизм C(-13910)T (rs4988235) в регуляторной области гена *MCM6* определяет экспрессию гена лактазы (*LCT*) и, следовательно, фенотип персистенции (аллель T) или возрастной гиполактазии (аллель C) [1]. В европейских популяциях частота аллеля C составляет 30-50%, тогда как у коренных народов Сибири достигает 90% [2]. Эволюционные исследования показали, что аллель T распространился в Европе в результате сильного положительного отбора в период 5–10 тыс. лет назад, что связано с переходом к молочному животноводству [3]. Данные о частотах генотипов *LCT* на юге Дальнего Востока России отсутствуют. В связи с этим, целью работы стала оценка частоты аллелей и генотипов полиморфизма rs4988235 в выборке пациентов из Приморского края. Для этого методом аллель-специфичной ПЦР было обследовано 62 человека в возрасте от 65 до 90 лет. Обнаруженная 100% частота гетерозигот C/T значительно превышает значения, характерные для европейских популяций, и сопоставима с частотами, описанными для коренных народов Северо-Восточной Сибири [2]. Наблюдаемое распределение генотипов отличается от теоретически ожидаемого при равновесии Харди–Вайнберга (50% гетерозигот), что может быть обусловлено кумулятивным эффектом исторических миграций, генетическим дрейфом и длительным отсутствием селективного преимущества аллеля T в восточноазиатских популяциях, где молочное животноводство не было традиционным [1], а также может указывать на особенности формирования выборки, методологические ограничения или возможное гетерозиготное преимущество в данной популяции. Полученные результаты требуют проверки на более репрезентативных выборках.

Список литературы

1. Malyarchuk B.A. Genetic aspects of lactase deficiency in indigenous populations of Siberia // Vavilovskii Zhurnal Genetiki i Selektsii. 2024. V. 28(6). P. 650-658.
2. Borinskaya S.A., Rebrikov D.V., Nefedova V.V., et al. Molecular diagnosis and frequencies of primary hypolactasia in populations of Russia and neighboring countries // Mol Biol. 2006. V. 40(6). P. 931-935.
3. Bersaglieri T., Sabeti P.C., Patterson N., et al. Genetic signatures of strong recent positive selection at the lactase gene // Am J Hum Genet. 2004. V. 74(6). P. 1111-1120.

Информация об авторах:
Воронова Анастасия Николаевна, ORCID ID 0000-0001-7571-0750
Плехова Наталья Геннадьевна, ORCID ID 0000-0002-8701-7213

DOI: 10.48612/altuhov/2026_03-06

Реестр генетико-демографических параметров населения Москвы и Санкт-Петербурга

Грачева А.С.*, Удина И.Г., Курбатова О.Л.
Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова РАН, Москва, Россия
**e-mail: palesa@yandex.ru*

Registry of Genetic-Demographic Parameters of the Populations of Moscow and St. Petersburg

Gracheva A.S. [1, *], Udina I.G.[1], Kurbatova O.L.[1]

[1]*Vavilov Institute of General Genetics, Russian Academy of Sciences, Moscow, Russia*

**e-mail: palesa@yandex.ru*

Резюме. Сформирован реестр основных генетико-демографических параметров населения Москвы и Санкт-Петербурга на основе анализа данных анкетирования, государственной статистики и переписи населения. Установлены генетико-демографические особенности, характеризующие влияние миграционных и этно-демографических процессов на популяционную структуру мегаполисов. Представленный реестр может быть использован для прогнозирования динамики генофонда населения мегаполисов в поколениях, а также при формировании репрезентативных выборок в медицинской генетике и криминалистических базах данных.

Ключевые слова: демографическая генетика, мегаполис, динамика генофонда, коэффициент миграции, базы данных, ДНК-идентификация

Abstract. A register of the main genetic-demographic parameters of the population of Moscow and St. Petersburg has been compiled based on the analysis of questionnaire data, official statistics, and population censuses. Genetic-demographic features characterizing the influence of migration and ethno-demographic processes on the population structure of megacities have been identified. The presented register can be used for predicting the dynamics of the gene pool of megacity populations across generations, as well as for forming representative samples in medical genetics and forensic databases.

Keywords: genetic demography, megalopolis, gene pool dynamics, migration coefficient, data bases, DNA identification

Исследования популяционной структуры мегаполисов, инициированные академиком Юрием Петровичем Алтуховым, получили свое развитие в трудах группы демографической генетики под руководством д.б.н. Ольги Леонидовны Курбатовой (лаборатория популяционной генетики ИОГен РАН) [1, 2]. Дальнейшая эволюция данного научного направления, связанная с деятельностью ученых-генетиков О.Л. Курбатовой и Е.Ю. Победоносцевой, привела к созданию и успешной реализации в 2017–2021 гг. мероприятия 10 программы Союзного государства «ДНК-идентификация» [3]. В рамках программы была не только разработана и апробирована методика формирования и анализа генетических баз данных для динамичных и смешанных по этническому составу популяций мегаполисов, но и построен прогноз изменения их генофонда под влиянием миграционных процессов [3]. Настоящая работа посвящена формированию реестра генетико-демографических параметров населения для двух крупнейших мегаполисов России – Москвы и Санкт-Петербурга на основе анализа данных анкетирования, официальной статистики и переписи населения.

Реестр основных генетико-демографических параметров населения мегаполисов сформирован на основе статистического анализа данных анкетирования, статистики Росстата (rosstat.gov.ru) и Всероссийской переписи населения Москвы и Санкт-Петербурга (ВПН-2010). Проанализирован ряд популяционно-генетических параметров: коэффициент миграции, средний радиус миграции, доля межэтнических браков, показатели брачной внутриэтнической ассортативности, индексы экзогамии и средние брачные расстояния, дифференциальная смертность, дифференциальная плодовитость – с использованием

методов, принятых в генетико-демографических исследованиях [2–8]. В населении Москвы по данным анкетирования изучены две разновозрастные выборки: «старшая» (средний год рождения: мужчины – 1949, женщины – 1948). «Младшая» выборка представлена новорожденными 2017 года рождения, анкетирование проведено у их матерей (средний год рождения: отцы – 1985, матери – 1988) [5, 8]. В Санкт-Петербурге изучена одна выборка (средний год рождения: мужчины – 1972, женщины – 1970) [6].

Методами демографической генетики изучены два мегаполиса – Москва и Санкт-Петербург; для них созданы генетические базы данных [3, 5–8]. Результаты расчета параметров и статистического анализа генетико-демографических параметров населения этих городов обобщены и сведены в реестр, представляющий собой таблицу (Рисунок).

Параметр	Москва		Санкт-Петербург
	«старшая»	«младшая»	
m – коэффициент миграции	**0.485** ♂ 0.413 ♀ 0.517	**0.649** ♂ 0.636 ♀ 0.657	**0.356** ♂ 0.351 ♀ 0.359
R ± s.e. – средний радиус миграции, км	1009 ± 107 σ = 1277	1782 ± 106 σ = 1722	1746 ± 131 σ = 1793
Доля межэтнических браков, %	9.76	12.35	9.66
A' – индекс внутриэтнической ассортативности, %	Русские 75.04 Украинцы 50.98 Армяне 100 Белорусы 100 Азербайджанцы 100 Евреи 85.31	Русские 87.63 Украинцы 31.31 Армяне 100 Таджики 100 Киргизы 100 Азербайджанцы 100 Евреи 100	Русские 55.51 Украинцы 43.96 Белорусы 32.05
Ex ± s.e. – средний индекс экзогамии	0.97 ± 0.09 σ = 1.31	1.95 ± 0.11 σ = 1.19	1.22 ± 0.06 σ = 1.24
$\bar{d}$ ± **s.e.** – среднее брачное расстояние, км	379 ± 59 σ = 908	947 ± 176 σ = 1858	580 ± 61 σ = 1190
p_d – доля умерших до наступления репродуктивного периода*	**0.012** ♂ 0.014 ♀ 0.010		**0.009** ♂ 0.011 ♀ 0.007
p_s – доля доживших до начала репродуктивного периода*	**0.988** ♂ 0.986 ♀ 0.990		**0.991** ♂ 0.989 ♀ 0.993
I_m – компонента отбора, обусловленная дифференциальной смертностью*	**0.012** ♂ 0.014 ♀ 0.010		**0.009** ♂ 0.012 ♀ 0.007
k – среднее число потомков у женщин с законченным репродуктивным периодом**	1.44 годы рождения женщин до 1940	1.36 годы рождения женщин 1966-1970	1.33 годы рождения женщин до 1940
V_k – дисперсия числа потомков**	0.82	0.78	0.70
I_f – компонента отбора, обусловленная дифференциальной плодовитостью**	0.39	0.42	0.39

Рисунок – Реестр основных генетико-демографических параметров населения мегаполисов. Обозначения: * – рассчитано на основе данных таблиц смертности и ожидаемой продолжительности жизни 2018 года [7]; ** – рассчитано на основе данных ВПН-2010 [7]; без звездочки – рассчитано по данным анкетирования жителей Москвы [3, 5, 8] и Санкт-Петербурга [3, 6]. s.e. – статистическая ошибка; σ – стандартное отклонение.

Выявленные генетико-демографические особенности населения мегаполисов, объединенные в единый реестр, позволяют охарактеризовать популяционные процессы, проанализировать состояние генофонда и прогнозировать его динамику. Параметры реестра важно учитывать как при формировании репрезентативных популяционных

выборок, используемых в медицинской генетике, так и референтных баз данных, применяемых в криминалистике.

Сформированный реестр генетико-демографических параметров населения мегаполисов позволяет охарактеризовать их популяционную структуру с учетом смешанного состава, проводить анализ динамики генофонда в поколениях и прогнозировать его изменения под воздействием миграционных и других этнодемографических процессов. Реестр может быть полезен при формировании репрезентативных популяционных выборок.

Работа выполнена в рамках государственного задания ИОГен РАН № 125040404873-4 «Изучение генетического полиморфизма клетки, организма и популяции для разработки новых генетических технологий».

Список литературы

1. Алтухов Ю.П. Генетические процессы в популяциях. 3-е изд. М.: Академкнига, 2003, 431 с.
2. Курбатова О.Л., Победоносцева Е.Ю. Динамика популяционных генофондов при антропогенных воздействиях. Урбанизированные популяции // Динамика популяционных генофондов при антропогенных воздействиях. Под ред. Ю.П. Алтухова. М.: Наука, 2004, С. 433-516.
3. Грачева А.С., Удина И.Г., Победоносцева Е.Ю., Котова С.А., Цыбовский И.С., Кильчевский А.В., Янковский Н.К., Курбатова О.Л. Генетико-демографические процессы в населении мегаполисов на территории союзного государства России и республики Беларусь // Генетика. 2025. Т. 61. № 11. С. 100–106. DOI: 10.7868/S3034510325110112
4. Курбатова О.Л., Янковский Н.К. Миграция – основной фактор популяционной динамики городского населения России // Генетика. 2016. Т. 52. № 7. С. 831-851. DOI: 10.7868/S0016675816070067
5. Курбатова О.Л., Грачева А.С., Победоносцева Е.Ю., Удина И.Г. Генетико-демографические параметры населения г. Москвы. Миграционные процессы // Генетика. 2021. Т. 57. N. 12. С. 1438-1449. DOI: 10.31857/S0016675821120080
6. Курбатова О.Л., Удина И.Г., Грачева А.С., и др. Генетико-демографические параметры населения г. Санкт-Петербурга. Миграционные процессы // Генетика. 2019. Т. 55. № 9. С. 1071-1082. DOI: 10.1134/S001667581909008X
7. Грачева А.С., Удина И.Г., Курбатова О.Л. Генетико-демографический анализ параметров естественного воспроизводства и индексов Кроу в этнических группах Москвы и Санкт-Петербурга (по материалам Всероссийской переписи населения 2010 г.) // Генетика. 2023. Т. 59. № 9. С. 1078-1089. DOI: 10.31857/S0016675823090059
8. Грачева А.С., Удина И.Г., Курбатова О.Л. Особенности генетико-демографических процессов в населении Москвы. Брачная структура популяции // Генетика, 2025. Т. 61. № 5. С. 57-66. DOI: 10.31857/S0016675825050055

Информация об авторах:
Грачева Алеся Сергеевна, ORCID ID 0000-0003-1361-6085
Удина Ирина Геннадьевна, ORCID ID 0000-0002-0620-945X
Курбатова Ольга Леонидовна, ORCID ID 0000-0001-6558-608X

DOI: 10.48612/altuhov/2026_03-07

Воспроизводство шорцев – коренного малочисленного народа Кузбасса: генетико-демографический аспект

Дорошилова А.В., Лузина Ф.А.*, Гуляева О.Н., Казицкая А.С., Ядыкина Т.К., Жукова А.Г.

ФГБНУ «Научно-исследовательский институт комплексных проблем гигиены и профессиональных заболеваний», Новокузнецк, Россия

**luzina45@mail.ru*

Reproduction of the Shors – an indigenous minority people of the region Kuzbass: genetic and demographic aspects

Doroshilova A.V., Luzina F.A.*, Gulyaeva O.N., Kazitskaya A.S., Yadykina T. K., Zhukova A.G.

Research Institute for Complex Problems of Hygiene and Occupational Diseases, Novokuznetsk, Russia

**luzina45@mail.ru*

Резюме. Проведен анализ динамики численности и параметров воспроизводства шорцев, а также изучена роль полиморфных вариантов генов системы метаболизма ксенобиотиков (*GSTM1(del), GSTT1 (del), rs1138272 гена GSTP1, rs4646903 гена CYP1A1, rs762551 гена CYP1A2)* в невынашивании беременности (НБ) у женщин коренной национальности. Результаты: установлено ускорение темпа снижения численности коренного населения (1989 г. – 12585 чел., 2010 г. – 10672 чел., 2020 г. – 8363 чел.). В популяции шорцев сохраняется регрессивный тип возрастной структуры и суженный режим воспроизводства населения. Выявлена ассоциация делеционного полиморфизм гена *GSTM1* у шорок с потерей беременности (OR = 3.07; 95% CI:1.18-7.97; p = 0.018). Для других изученных полиморфизмов статистически значимой ассоциации с НБ ни по одной модели наследования не получено.

Ключевые слова: шорцы, *CYP1A1, CYP1A2; GSTT1, GSTM1, GSTP1,* невынашивание беременности (НБ)

Abstract. An analysis of the population dynamics and reproduction parameters of the Shors was conducted, and the role of polymorphic variants of the xenobiotic metabolism system genes (*GSTM1* (del), *GSTT1* (del), rs1138272 of the *GSTP1* gene, rs4646903 of the *CYP1A1* gene, rs762551 of the *CYP1A2* gene) in miscarriage (MP) in indigenous women was studied. Results: an acceleration of the rate of decline in the indigenous population was established (12585 people in 1989, 10672 in 2010, 8363 people in 2020). The Shors are characterized by a regressive age structure and a narrowed reproduction period. An association between the deletion polymorphism of the *GSTM1* gene in Shors and pregnancy loss was revealed (OR = 3.07; 95% CI: 1.18-7.97; p = 0.018). For the other polymorphisms studied, no statistically significant association with NB was found using a single inheritance model.

Keywords: shors, *CYP1A1*, *CYP1A2*, *GSTT1*, *GSTM1*, *GSTP1,* genes, miscarriage

Шорцы – коренной малочисленный народ РФ, в последние десятилетия сталкивается с серьёзными демографическими вызовами: систематическим снижением численности, депопуляцией, нарушением репродуктивного здоровья. Эта проблема требует комплексного изучения демографических и медико-генетических характеристик, влияющих на воспроизводство населения. Кузбасс занимает одно из ведущих мест в РФ не только по объему промышленного производства, но и по уровню загрязнения окружающей среды [1].

Основная роль в защите организма от действия токсичных экзогенных и эндогенных веществ принадлежит ферментной системе метаболизма ксенобиотиков, активность которой зависит от полиморфизма генов биотрансформации ксенобиотиков, в том числе *CYP1A1, CYP1A2, GSTT1, GSTM1* и *GSTP1*.

Цель исследования – изучить динамику демографических параметров процесса воспроизводства коренного малочисленного народа - шорцев и выяснить роль полиморфных вариантов генов системы метаболизма ксенобиотиков *(CYP1A1, CYP1A2, GSTT1, GSTM1* и *GSTP1)* в невынашивании беременности (НБ) у женщин шорской национальности.

Материал собран в экспедиционных условиях в местах компактного проживания шорцев в Горной Шории Кемеровской области. Выборка женщин – шорок составила 118 человек, из них 51 женщина со одним и более случаями спонтанного прерывания беременности, контрольная группа – 67 женщин без осложненного акушерского анамнеза. Все женщины дали добровольное информированное согласие на участие в исследовании.

Генотипирование проведено методом real-time ПЦР. Статистический анализ выполнен в программах IBM SPSS Statistics 21.0, SNPStats. Проведен поиск ассоциаций полиморфизмов исследуемых генов с НБ, рассчитано отношение шансов (OR 95% CI) по разным моделям наследования. В работе использованы материалы ВПН 2002, 2010, 2020 годов [2].

Шорцы – один из самых урбанизированных этносов среди коренных малочисленных народов РФ – (75.8%), что отражается на его воспроизводстве. Репродуктивно-активный период за 3 поколения уменьшился в 2 раза (с 14.0 до 6.7 года). Средний возраст женщины при рождении последнего ребенка сократился с 36.5±0.65 до 27.7±1.09 года [3]. Ввиду вступления в репродукцию малочисленной когорты женщин 1990-х годов рождения уменьшился абсолютный и изменился относительный объем дорепродуктивного (2010 г. – 2044 чел. (19.15%), 2020 г. – 1690 чел. (20.21%)) и репродуктивного контингента (2010 г. – 6025 чел. (56.5%), 2020 г. – 4102 чел. (49.05%)). Возрастная структура шорцев по-прежнему – регрессивного типа. Общее число рожденных детей за период между последними ВПН уменьшилось с 8221 чел. до 6258 чел., что свидетельствует о суженном режиме демографического воспроизводства шорского этноса. Ускорился темп сокращения численности шорцев (1989 г. – 12585 чел., 2010 г. – 10672 чел., 2020 г. – 8363 чел.).

Результаты распределения полиморфизмов генов *GSTT1* (del), *GSTM1* (del), rs1138272 *GSTP1*, rs4646903 *CYP1A1*, rs762551 *CYP1A2* у шорок с потерей беременности и в контрольной группе представлены в Таблице.

Анализ ассоциаций полиморфизмов исследуемых генов и их сочетаний у женщин коренной национальности с невынашиванием беременности показал, что делеционный генотип *GSTM1 0/0* статистически значимо ассоциирован с повышенным риском НБ. Согласно рецессивной модели наследования, его носители имеют в 3.07 раза более высокий шанс прерывания беременности (OR=3.07; 95 % CI: 1.18–7.97; p=0.018) по сравнению с женщинами, обладающими генотипами *GSTM1* +/0 или +/+. Значимая ассоциация отмечена и при сравнении данного генотипа с общепопуляционным контролем. Сочетание двойных «функционально ослабленных» генотипов *GSTM1* (0/0)/*GSTT1* (0/0) в нашей выборке зафиксировано только в группе женщин с репродуктивными нарушениями. Для полиморфизмов генов *GSTT1* (del), rs1138272 гена *GSTP1*, rs4646903 гена *CYP1A1*, rs762551 гена *CYP1A2* статистически значимой ассоциации с НБ не получено.

Таблица – Распределение полиморфизмов генов *GSTT1*, *GSTM1*, *GSTP1*, *CYP1A1*, *CYP1A2* и их ассоциации с невынашиванием беременности у женщин шорской национальности

Гены	**Генотип**	**Женщин с НБ (n=51),%**	**Контрольная группа (n=67), %**	χ^2 **(*p*)***	**ОШ (95% ДИ)**	***p***
GSTT1 (del)	+/+	80,39	80,6	**0,98 (0,001)**	1,01 (0,40-2,54)	0,98
	-/-	19,61	19,4			
GSTM1 (del)	+/+	70,59	88,06	**5,63 (0,018)**	**3,07 (1,18-7,97)**	**0,018**
	-/-	29,41	11,94			
GSTT1 (del)/ GSTM1(del)	-/-	3,92	0			
GSTP1 rs1138272	CC	90,2	80,6	2,06 (0,151)	0,45 (0,15-1,36)	0,14
	CT	9,8	19,4			
	TT	0	0			
CYP1A1 rs4646903	TT	72,55	66,67	1,70 (0,428)	0,71 (0,34-1,50)	0,37
	TC	27,45	30,3			
	CC	0	3,03			
CYP1A2 rs762551	CC	14,29	12,12	1,21 (0,547)	1,53 (0,72-3,25)	0,27
	CA	53,06	43,94			
	AA	32,65	43,94			

Примечание: *χ^2 - показатель различий между группой женщин с НБ и контрольной группой.

Полученные результаты позволят не только выяснить причины депопуляции шорцев, но и заложить основу для долгосрочных стратегий сохранения этого уникального этноса.

Список литературы

1. О состоянии экологии в Кемеровской области и нарушениях прав граждан на благоприятную окружающую среду. Специальный доклад Уполномоченного по правам человека в Кемеровской области. Федеральный портал protown.ru. – URL: http://www.protown.ru/russia/obl/articles/7340.html.
2. Федеральная служба государственной статистики (Росстат). Переписи населения. URL: www.rosstat.gov.ru/perepisi_naseleniya (дата обращения: 08.06.2026)
3. Дорошилова А.В., Лузина Ф.А., Палевская С.А. и др. Динамика параметров репродукции и воспроизводства шорцев - коренного малочисленного народа Кемеровской области // Проблемы социальной гигиены, здравоохранения и истории медицины. 2020. Т. 28(3) С. 390-395

Информация об авторах:
Дорошилова Анастасия Викторовна, ORCID ID 0000-0003-4376-5989
Лузина Фаина Анисимовна, ORCID ID 0000-0001-9299-4652
Гуляева Ольга Николаевна, ORCID ID 0000-0003-2225-6923
Казицкая Анастасия Сергеевна, ORCID ID 0000-0001-8292-4810
Ядыкина Татьяна Константинова, ORCID ID 0000-0001-7008-1035
Жукова Анна Геннадьевна, ORCID ID 0000-0002-4797-7842

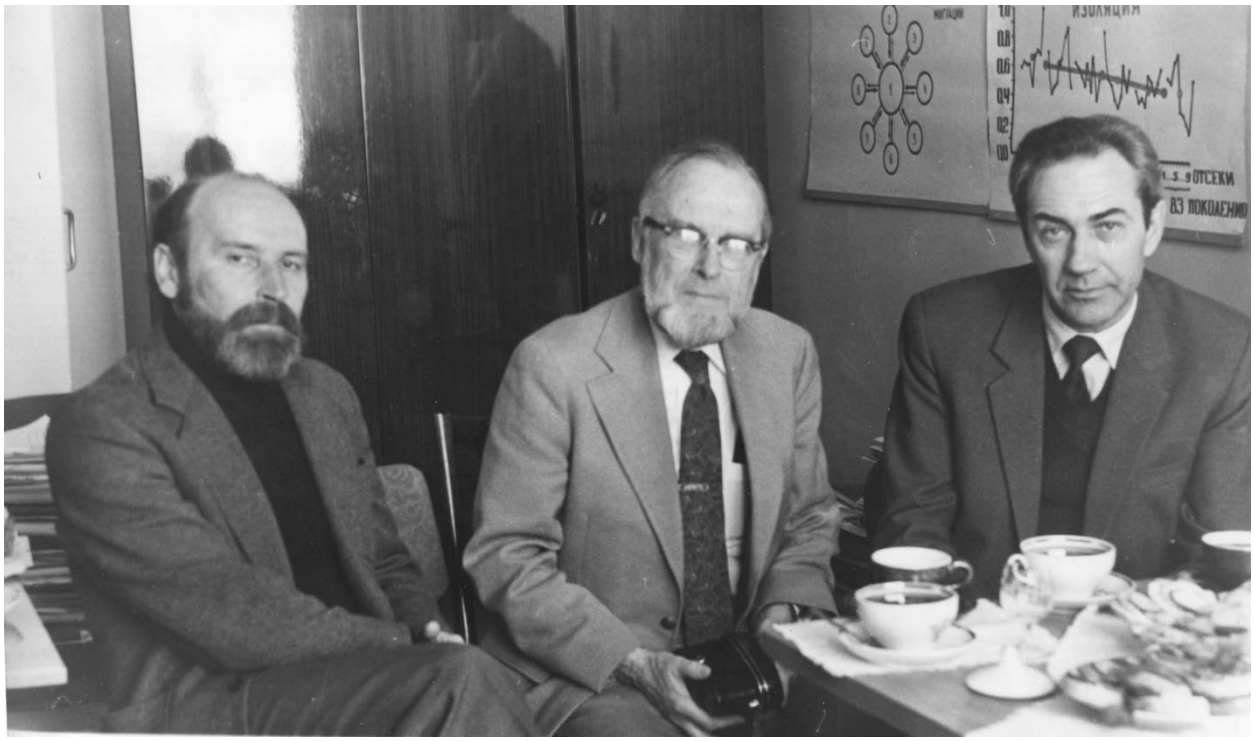
Юрий Петрович Алтухов не был в строгом смысле «генетиком человека» по образованию и основным интересам. Однако он интересовался популяционной генетикой человека и экологической генетикой, знал и сотрудничал со многими крупными специалистами в этой области. Представляем некоторых из них в небольшой фотогалерее.



Ю.П. Алтухов с академиком РАН С.В. Шестаковым и академиком РАМН Н.П. Бочковым, крупным медицинским генетиком, основателем и директором Института медицинской генетики АМН СССР (1970-е гг.)



В президиуме: Ю.П. Алтухов (справа) и И.И. Сусков (в центре), известный медицинский генетик, цитогенетик



Ю.П. Алтухов с Ю.Г. Рычковым (слева), видным генетиком человека, соавтором их совместных фундаментальных работ и Дж. Нилом (в центре), крупнейшим американским генетиком (1975 г.), с которым в середине 1970-х – 1980-х развернулась масштабная дискуссия о влиянии малых доз радиации и других антропогенных факторов среды



Ю.Е. Дуброва – ученик Ю.П. Алтухова, сотрудник лаборатории А. Джеффриса, профессор в Лестерском университете, Великобритания (2017 г.)



О.Л. Курбатова – известный специалист в области демографической генетики, ученица и соратник Ю.П. Алтухова

DOI: 10.48612/altuhov/2026_03-08

Эффективность KiddLab Panel для предсказания происхождения представителей этнических групп населения Республики Беларусь

Котова С.А.*, Спивак Е.А.

Республиканский научно-практический центр «Мать и дитя», Минск, Республика Беларусь

**e-mail: svetlkotova@mail.ru*

The effectiveness of KiddLab Panel in determining the ancestry of ethnic groups in the Republic of Belarus

Kotova S.A.*, Spivak A.A.

Republican Scientific and Practical Center "Mother and Child", Minsk, Republic of Belarus

**e-mail: svetlkotova@mail.ru*

Резюме. С использованием референсной базы ALFRED (ALLele FREquency) проведена оценка информативности панели KiddLab 55 AISNP для предсказания вероятного

этногеографического происхождения индивидов из различных групп населения проживающих в Республике Беларусь. Для предикции использовали интерактивный ресурс FROG-kb. Проведенный анализ показал, что успешность и точность отнесения индивида к той или иной популяции зависела от представленности популяционных данных.
Ключевые слова: популяционная база данных, этногеографическое происхождение, судебная медицина

Abstract. Using the ALFRED (ALLele FREquency) reference database, we assessed the informativeness of the KiddLab 55 AISNP Panel for predicting the probable biogeographical origin of individuals from various population groups living in the Republic of Belarus. The FROG-kb interactive resource was used for prediction. The analysis showed that the success and accuracy of assigning an individual to a particular population depended on the representation of population data.
Keywords: population database, biogeographical origin, forensic medicine

В судебной медицине анализ информативных ДНК-маркеров этногеографического происхождения (Ancestry Informative Markers, AIMs) является эффективным инструментом для поиска неизвестного индивида и сужения круга подозреваемых. Однако, успех предсказания критически зависит от репрезентативности референтных (популяционных) баз и качества алгоритмов интерпретации. Интерактивный ресурс FROG-kb (Framework for Analysis of Common Genetic Markers) [1] использует верифицированные данных о частотах аллелей маркеров происхождения мировых популяций, которые хранятся в базе данных частот аллелей (ALFRED), и рассчитывает происхождение на основе вводимых мультилокусных SNP-генотипов в формате панели KiddLab 55 AISNP [2]. FROG-kb и SNP-панель представляют собой эффективный инструмент для выделения семи географических регионов: Африка, Азия, Европа, Восточная Азия, Океания, Северная Америка, Южная Америка. Несмотря на глобальность и широкую популяционную представленность FROG-kb (включает данные а частотах аллелей 161 популяции), применимость этого ресурса и точность предикции для населения Республики Беларусь не оценивалась.

Мультилокусные SNP-генотипы (N=51) представителей 19 этнических групп населения, были получены с использованием коммерческого набора ForenSeq DNA Signature Prep Kit в рамках Программы Союзного государства «ДНК-идентификация». Согласно физико-географической классификации, принятой ООН, из 51 отобранного для исследования индивида, на основе анкетных данных 21 был классифицирован нами как азиатский по происхождению доноров и их предков (по материнской и/или отцовской линии), 30 доноров имели европейские корни. Для оценки эффективности алгоритма предикции вероятного этногеографического происхождения, 52 локусные SNP-генотипы индивидов загружали в формате .txt в ресурс FROG-kb. В качестве панели локусов выбирали KiddLab - Set of 55 AISNPs. Полученные результаты предсказания региона происхождения образца сравнивали с анкетными данными донора и его предков. Доля правильных предикций (совпадений между реальным и предсказанным FROG-kb регионом) для семи этнических групп в среднем составляла 22%, при объединении регионов в большие кластеры – 75% (Таблица).

Индивиды, имеющие восточноевропейское происхождение относились в большинстве своем в чисто Европейский кластер: белорусов и татар с большей вероятностью предиктор включал в популяции из Европы (микс) и/или Северной Европы,

украинцев – в популяции из Восточной и/или Южной Европы; из шести русских трое были отнесены к Северным популяциям, остальные к центральному или южному региону Европы и ни один индивид этой национальности не попал в популяцию «Russians (Europe,96)» или «Russians_Archangel'sk (Europe,68)».

Таблица – Доля правильной классификации региона происхождения

Этническая группа	Число образцов	Регион происхождения (по анкетным данным)	Доля правильных предикций (до региона)	Доля правильных предикций (до кластера регионов)
Белорусы	5	Восточная Европа	10%	100% (Европа)
Русские	6	Восточная Европа	0%	100 % (Европа)
Украинцы	5	Восточная Европа	20%	80% (Европа)
Литовцы	4	Северная Европа	50%	100% (Европа)
Поляки	7	Центральная Европа	0%	70% (Европа)
Армяне	6	Передняя Азия	33%	33% (Азия)
Азербайджанцы	5	Передняя Азия	40%	40% (Азия)

Из четырех литовцев для двух максимальное сходство было установлено с популяциями Северной Европы. Для большинства поляков ближайшими кластерами были популяции Западной и Северной Европы, два индивида польского происхождения с максимальной вероятностью были неправильно классифицированы в группу популяций из Передней Азии. Три индивида еврейской национальности отнесены к южным европейским популяциям, один к популяциям из передней Азии. Из шести армян для двух с наибольшей вероятностью было предсказано происхождение из кластера Передняя Азия, два армянина определялись в кластер европейских популяций. Двух армян программа относила к популяциям из Азии или Европы (согласно анкетным данным предки одного из них по отцовской линии родом из Армении, по материнской линии – из Беларуси). Из пяти азербайджанцев только один был отнесен в чисто азиатский кластер популяций, для остальных программа предсказывала как азиатское, так и европейское происхождение. К азиатскому кластеру были правильно отнесены араб, индус, вьетнамец, узбек, киргиз, кореец, китаец, при этом принадлежность к конкретной предковой популяции была точно предсказана для китайца и индийца.

Как показал проведенный анализ, KiddLab Panel эффективна для грубой дифференциации между крупными географическими кластерами (Европа - Азия). Точность снижается для популяций, находящихся на границах географических регионов (армяне, азербайджанцы). Для популяций, по которым в референсной базе имеются хорошие данные (получены частоты для всех SNP-локусов на большой популяционной выборке), предсказание проводится с точностью до региона или даже популяции (группы популяций), как в случае с образцом, донор которого родом из Китая – калькулятор определил его происхождение из региона Внутренняя Монголия. Для популяций, по которым в референсной базе нет данных (нет ни "правильной" предковой популяции, ни каких-либо географически близких популяций среди референсных) или же в случае, когда представленные данные неполные, предсказание было или ошибочным или образец был отнесен к группе доступных для сравнения соседних популяций. Таким образом, оценка происхождения личности становится проблематичной, если соответствующая предковая популяция не была включена в исследование, на основе которого разработан инструмент предикции.

Для увеличения точности предсказания этногеографического происхождения неизвестного индивида по маркерам KiddLab - Set of 55 AISNPs. с использованием

калькулятора FROG-kb критически важна репрезентативность референсных данных – необходимо пополнить ресурс сведениями о генотипах представителей европейских популяций (белорусы, украинцы, поляки, эстонцы, литовцы и др.), а также данными для других популяций сопредельных государств постсоветского пространства. Дополнительным важным моментом является оптимизация набора информативных по происхождению SNP-маркеров для улучшения предикции слабо дифференцированных популяций.

Список литературы

1. Forensic Resource/Reference on Genomics-knowledge base [Электронный ресурс]. – URL: https://frog.med.yale.edu (дата обращения: 12.07.2024).
2. Kidd K.K., Speed W.C., Pakstis A.J. et al. Progress toward an efficient panel of SNPs for ancestry inference // Forensic Sci Int Genet. 2014. Vol.10. P. 23-32.

Информация об авторах:
Котова Светлана Александровна, ORCID ID 0000-0002-6521-7732
Спивак Елена Александровна, ORCID ID 0000-0003-0062-7340

DOI: 10.48612/altuhov/2026_03-09

Характеристика изменчивости полных митохондриальных геномов белорусов: от фундаментальных исследований к референтной базе данных для клинической генетики

Котова С.А.[1]*, Спивак Е.А.[1], Романович Е.А.[2]
[1]Республиканский научно-практический центр «Мать и дитя», Минск, Республика Беларусь
[2]Белорусский Государственный Университет, Минск, Республика Беларусь
**e-mail: svetlkotova@mail.ru*

Characterization of variability of complete mitochondrial genomes of Belarusians: from fundamental research to a reference database for clinical genetics

Kotova S.A.[1] *, Spivak A.A.[1], Romanovich E.A.[2]
[1]Republican Scientific and Practical Center "Mother and Child", Minsk, Republic of Belarus
[2]Belarusian State University, Minsk, Republic of Belarus
**e-mail: svetlkotova@mail.ru*

Резюме. Изучено генетическое разнообразие 1086 полных митохондриальных геномов белорусов. На основе полученных данных разработана национальная референтная база частот нуклеотидных вариантов мтДНК «mtGenomeBel». База также содержит информацию о регионе (ген/локус), статусе (гетеро/гомоплазматический), референсном нуклеотиде (rCRS) и частоте встречаемости каждого из вариантов внутри определенной гаплогруппы.
Ключевые слова: генетическое разнообразие, гаплогруппа, мтДНК, база данных, белорусы

Abstract. The genetic diversity of 1086 complete mitochondrial genomes of Belarusians was studied. Based on the data obtained, a national reference database, "mtGenomeBel," was developed for the frequencies of 1795 mtDNA nucleotide variants. The database also contains information on the region (gene/locus), status (heteroplasmic/homoplasmic), reference nucleotide (rCRS), and the frequency of each variant within a specific haplogroup.
Keywords: genetic diversity, haplogroup, mtDNA, database, Belarusians

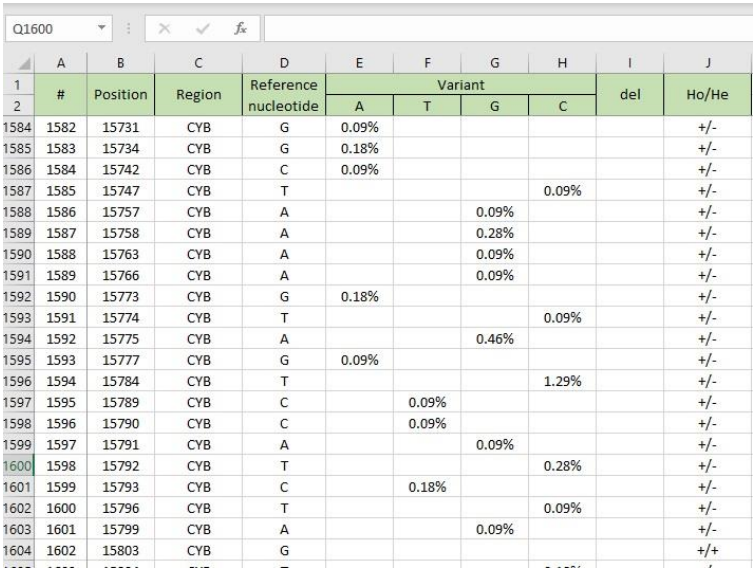
Активное внедрение методов высокопроизводительного секвенирования (NGS) митохондриальной ДНК в клиническую генетику обуславливает необходимость разработки репрезентативных популяционных баз данных, которые позволяют разграничивать нейтральные популяционно-специфические полиморфизмы от патогенных мутаций, ассоциированных с моногенными и мультифакторными заболеваниями. Использование для этих целей глобальных баз данных (HmtVar, HmtDB, Mitomap) может приводить к гипердиагностике из-за отсутствия в них локальных референсных выборок. Целью данного исследования было охарактеризовать спектр генетической изменчивости полных митохондриальных геномов в белорусской популяции, установить частоты аллелей и выявить популяционно-специфичные варианты для создания национальной референсной базы данных для клинических и популяционно-генетических исследований.

Совокупный массив проанализированных данных включал 1086 полных последовательностей мтДНК высокого качества секвенирования (Q = 30), аннотированных в строгом соответствии с международными рекомендациями по анализу вариантов мтДНК [1]. В исследованной популяционной выборке было выявлено 430 субгаплогрупп, классифицированных в соответствии с PhyloTree build 17, входящих в 19 мажорных клад (из 33 представленных в 17 версии каталога PhyloTree). Все они происходят от двух базальных евразийских гаплогрупп мтДНК – M и N(R). В целом белорусская популяция имеет композицию групп и подгрупп мтДНК, характерную для других восточно-европейских популяций [2]. На долю 4-х наиболее распространенных гаплогрупп H, U(K), T и J приходится 37%, 22%, 10% и 9%, соответственно и в сумме их представленность в исследованной популяции составляет 88%, что согласуется с данными ранее проведенных исследований, в которых по результатам анализа данных секвенирования гипервариабельного сегмента 1 (ГВС1) мтДНК, 267 белорусов были отнесены к 58 евразийских субгаплогруппам с теми же мажорными кладами [3]. Суммарно во всей выборке выявлено 1795 вариантов мтДНК, из которых 800 составили уникальные варианты (синглетоны) из них 779 – однонуклеотидные варианты, 8 – делеции и 15 – вставки. Количество вариантов на гаплотип варьировало от 1 до 49 (медианное количество – 28 вариантов на гаплотип). Образец с максимальным числом вариантов относится к гаплогруппе M10a1a1b.

Анализ распределения изменчивости по последовательности мтДНК показал, что наибольшая плотность вариантов зафиксирована в контрольном регионе D-петли (274/37%), а также в гене треаниновой тРНК (13/17%). В кодирующей части мтДНК варианты чаще всего встречались в генах НАД1(131/13,7%), АТФазы (128/15,2%) и Цитохрома В (158/14%). Ни одного варианта не было выявлено в гене пролиновой тРНК.

На основе полученных данных разработана национальная референтная база «mtGenomeBel», которая содержит информацию о гаплогруппах, регионе (ген/локус), частоте встречаемости, статусе (гетеро-/гомоплазматический), референсном нуклеотиде (rCRS) для каждого из 1795 вариантов митохондриальной ДНК.

Созданная национальная база полных митогеномов является незаменимым источником информации для медицинской генетики, являясь одним из инструментов определения приоритетности вариантов мтДНК в процессе диагностики наследственной патологии. Интеграция в «mtGenomeBel» данных о частоте варианта внутри определенной гаплогруппы полезна для оценки патогенности конкретной замены и интерпретации ее клинической значимости – объяснения неполной пенетрантности или фенотипической вариабельности [4].



	#	Position	Region	Reference nucleotide	Variant				del	Ho/He
					A	T	G	C		
1584	1582	15731	CYB	G	0.09%					+/-
1585	1583	15734	CYB	G	0.18%					+/-
1586	1584	15742	CYB	C	0.09%					+/-
1587	1585	15747	CYB	T				0.09%		+/-
1588	1586	15757	CYB	A			0.09%			+/-
1589	1587	15758	CYB	A			0.28%			+/-
1590	1588	15763	CYB	A			0.09%			+/-
1591	1589	15766	CYB	A			0.09%			+/-
1592	1590	15773	CYB	G	0.18%					+/-
1593	1591	15774	CYB	T				0.09%		+/-
1594	1592	15775	CYB	A			0.46%			+/-
1595	1593	15777	CYB	G	0.09%					+/-
1596	1594	15784	CYB	T				1.29%		+/-
1597	1595	15789	CYB	C		0.09%				+/-
1598	1596	15790	CYB	C		0.09%				+/-
1599	1597	15791	CYB	A			0.09%			+/-
1600	1598	15792	CYB	T				0.28%		+/-
1601	1599	15793	CYB	C		0.18%				+/-
1602	1600	15796	CYB	T				0.09%		+/-
1603	1601	15799	CYB	A			0.09%			+/-
1604	1602	15803	CYB	G						+/+

Рисунок 1 – Страница базы «mtGenomeBel» с данными о частоте встречаемости вариантов митохондриальной ДНК в белорусской популяции.

Кроме этого, разработанная база данных является ценным источником информации для более глубокого анализа и понимания генетической структуры белорусской популяции, а также она также может быть полезна для максимально точной статистической оценки доказательств соответствия профиля мтДНК в криминалистике.

Список литературы

1. Parson W., Gusma L. et al. DNA Commission of the International Society for Forensic Genetics: Revised and extended guidelines for mitochondrial DNA typing // Forensic Science International: Genetics. 2014. Vol.13. P.134–142. DOI: 10.1016/j.fsigen.2014.07.010
2. Балановский О.П. Генофонд Европы. М.: Товарищество научных изданий КМК, 2015, 365 с.
3. Kushniarevich A., Sivitskaya L. et al. Uniparental genetic heritage of belarusians: encounter of rare middle eastern matrilineages with a central European mitochondrial DNA pool // PLoS One. 2013. Vol.13. No.8(6). P.e66499. DOI: 10.1371/journal.pone.0066499.
4. Bris C., Goudenege D. et al. Bioinformatics Tools and Databases to Assess the Pathogenicity of Mitochondrial DNA Variants in the Field of Next Generation Sequencing // Front. Genet. 2018. Vol. :632. DOI: 10.3389/fgene.2018.00632

Информация об авторах:
Котова Светлана Александровна, ORCID ID 0000-0002-6521-7732
Спивак Елена Александровна, ORCID ID 0000-0003-0062-7340
Романович Екатерина Александровна

DOI: 10.48612/altuhov/2026_03-10

Генетические ассоциации компонентов агрессивного поведения в моноэтничной армянской выборке: вклад межгенных взаимодействий и Х-сцепленных локусов

Лазебный О.Е.[1]*, Прошаков П.А.[1], Ревякина Л.А.[1], Куликов А.М.[1], Бутовская М.Л.[2]

[1]Институт биологии развития им. Н.К. Кольцова РАН, Москва, Россия

[2]Институт этнологии и антропологии им. Н.Н. Миклухо-Маклая РАН, Москва, Россия

**e-mail: o.e.lazebny@idbras.ru*

Genetic associations of aggression-related traits in a monoethnic Armenian sample: the contribution of gene–gene interactions and X-linked loci

Lazebny O.E.[1]*, Proshakov P.A.[1], Revyakina L.A.[1], Kulikov A.M.[1], Butovskaya M.L.[2]

[1]*Koltzov Institute of Developmental Biology, Russian Academy of Sciences, Moscow, Russia*

[2]*Miklouho-Maclay Institute of Ethnology and Anthropology, Russian Academy of Sciences, Moscow, Russia*

**e-mail: o.e.lazebny@idbras.ru*

Резюме. Агрессивное поведение представляет собой сложный полигенный признак, вариации которого определяются совместным действием генетических и средовых факторов. В моноэтничной армянской выборке студентов проанализированы полиморфные локусы генов, относящихся к различным функциональным классам и связанных с регуляцией нейромедиаторных и гормональных процессов, нейропластичностью и поддержанием стабильности генома. В анализ также были включены Х-сцепленные локусы. Ассоциации оценивали с количественными показателями агрессивного поведения. Выявлены половые различия в ассоциациях вариабельности Х-сцепленных локусов AR и HTR2C, ассоциации локусов BDNF и ERCC5 с отдельными компонентами агрессивного поведения, а также межгенные взаимодействия между изученными локусами, включая AR × OXTR, OXTR × HTR2A и BDNF × ERCC5. Полученные результаты подчеркивают важность учета межгенных взаимодействий и особенностей Х-сцепленной генетической архитектуры при исследовании генетических ассоциаций с признаками агрессивного поведения.

Ключевые слова: компоненты агрессивного поведения, генетические ассоциации, межгенные взаимодействия, Х-сцепленные локусы, *AR*, *BDNF*, *ERCC5*, половые различия

Abstract. Aggressive behavior is a complex polygenic trait shaped by the joint action of genetic and environmental factors. In a monoethnic Armenian student sample, polymorphic loci of genes representing different functional categories and involved in neurotransmitter and hormonal regulation, neuroplasticity, and genome maintenance pathways were analyzed. X-linked loci were also included in the analysis. Associations with quantitative measures of aggression-related traits were evaluated. Sex-specific associations of variation in the X-linked loci AR and HTR2C, associations of BDNF and ERCC5 variants with specific aggression-related phenotypes, and gene–gene interactions involving AR × OXTR, OXTR × HTR2A, and BDNF × ERCC5 were identified. These findings highlight the importance of considering gene–gene interactions and X-linked genetic architecture when studying genetic associations with aggression-related traits.

Keywords: aggressive behavior, genetic associations, gene–gene interactions, X-linked loci, *AR*, *BDNF*, *ERCC5*

Агрессивное поведение рассматривается как сложный биосоциальный признак, вариации которого определяются взаимодействием генетических и средовых факторов [1]. Однако результаты ассоциативных исследований остаются неоднозначными вследствие фенотипической и популяционной гетерогенности [2], а также сложности генетической архитектуры данного признака [3]. Целью настоящей работы было выявление ассоциаций полиморфных локусов генов, относящихся к различным функциональным классам, с показателями агрессивного поведения, а также оценка роли межгенных взаимодействий и Х-сцепленных эффектов в моноэтничной армянской выборке.

В исследование включены 189 студентов Ереванского государственного университета (72 мужчины, 117 женщин; средний возраст 20,5 ± 3,0 года). Психометрическая оценка проведена с использованием опросников Buss–Perry Aggression Questionnaire [4] и Reactive–Proactive Aggression Questionnaire [5]. Генотипирование выполнено методами ПЦР-ПДРФ, аллель-специфичной ПЦР и фрагментного анализа.

Изучены локусы HTR2A rs6311, HTR2C rs6318, DRD4 exon III VNTR, BDNF rs6265, ERCC5 rs1047768, OXTR rs53576 и полиморфизм по CAG-повтору гена AR. Статистический анализ включал корреляционный анализ, вложенный дисперсионный анализ (nested ANOVA) с учетом пола и генотипа, анализ межгенных взаимодействий и непараметрические методы для проверки устойчивости результатов.

Выявлены ожидаемые половые различия по физической, реактивной и проактивной агрессии, а также по враждебности. У мужчин обнаружена отрицательная корреляция между длиной CAG-повторов гена AR и физической агрессией. У женщин линейная ассоциация не выявлена, однако анализ гетерозиготных генотипов с учетом различий длины аллелей выявил различия уровней физической агрессии, согласующиеся с возможным влиянием X-мозаицизма. Для BDNF rs6265 выявлена ассоциация с вербальной агрессией, подтвержденная параметрическими и непараметрическими методами, а ERCC5 rs1047768 демонстрировал связь с враждебностью. У мужчин выявлены ассоциации X-сцепленного локуса HTR2C rs6318 с показателями физической агрессии и враждебности. Также выявлены статистически значимые межгенные взаимодействия между изученными локусами, включая AR × OXTR, OXTR × HTR2A и BDNF × ERCC5, ассоциированные с отдельными компонентами агрессивного поведения.

Полученные данные указывают на сложную генетическую архитектуру ассоциаций агрессивного поведения, включающую вклад генов различных функциональных классов, в том числе связанных с нейротрофическими, гормонально-регулируемыми и X-сцепленными механизмами. Для интерпретации результатов по X-хромосомным локусам у женщин следует учитывать возможный вклад мозаицизма инактивации X-хромосомы. Полученные результаты указывают на перспективность перехода от одно-локусных моделей к более интегративному анализу генетической архитектуры поведения.

Исследование поддержано Российским научным фондом (грант № 25-28-00990).

Список литературы

1. Tuvblad C., Baker L.A. Human aggression across the lifespan: genetic propensities and environmental moderators // Advances in Genetics. 2011. V. 75. P. 171–214. https://doi.org/10.1016/B978-0-12-380858-5.00007-1
2. Coccaro E.F., Jacobson K.C., Yeh M. Multivariate behavior genetic analyses of aggressive behavior subtypes // Behavior Genetics. 2010. V. 41. №1. P. 120–135. https://doi.org/10.1007/s10519-010-9363-z
3. Fernàndez-Castillo N., Hess J., Malki K., et al. An integrated analysis of genes and functional pathways for aggression in human and rodent models // Molecular Psychiatry. 2018. V. 24. P. 1655–1667. https://doi.org/10.1038/s41380-018-0068-7
4. Buss A. H., Perry M. The aggression questionnaire // Journal of Personality and Social Psychology. 1992. V. 63. №3. P. 452–459. https://doi.org/10.1037/0022-3514.63.3.452
5. Raine A., Dodge K., Loeber R., et al. The Reactive–Proactive Aggression Questionnaire: Differential correlates of reactive and proactive aggression in adolescent boys // Aggressive Behavior. 2006. V. 32. P. 159–171. https://doi.org/10.1002/AB.20115

Информация об авторах:
Лазебный Олег Евгеньевич, ORCID ID 0000-0003-3136-0415
Прошаков Павел Андреевич, ORCID ID 0000-0001-6996-8827
Ревякина Людмила Алексеевна, ORCID ID 0009-0009-0683-9898
Куликов Александр Михайлович, ORCID ID 0000-0001-6179-6848
Бутовская Марина Львовна, ORCID ID 0000-0002-5528-0519

DOI: 10.48612/altuhov/2026_03-11

Полиморфизм гена *DIO2* (rs225104) в популяциях коренного населения Сибири в связи с адаптацией к условиям Крайнего Севера

Малярчук Б.А.*, Похилюк Н.В., Денисова Г.А., Литвинов А.Н.
Институт биологических проблем Севера ДВО РАН, Магадан, Россия
**e-mail: malbor@mail.ru*

Polymorphism of the *DIO2* gene (rs225014) in indigenous Siberian populations as a result of adaptation to the Far North environment

Malyarchuk B.A.*, Pokhilyuk N.V., Denisova G.A., Litvinov A.N.
Institute of Biological Problems of the North FEB RAS, Magadan, Russia
**e-mail: malbor@mail.ru*

Резюме. Исследован полиморфизм локуса rs225014-C гена *DIO2* у коренного населения Сибири (10 этнических групп, N = 790). Показано увеличение частоты варианта rs225014-C с юга на северо-восток Сибири. Предполагается, что такая динамика частоты варианта rs225014-C в современных и древних популяциях Сибири связана с адаптацией к условиям Крайнего Севера.
Ключевые слова: ген *DIO2*, rs225014, адаптивный термогенез, коренное население Сибири

Abstract. The polymorphism of the rs225014-C locus of the *DIO2* gene was studied in the indigenous Siberian populations (10 ethnic groups, N = 790). An increase in the frequency of the rs225014-C variant from southern to northeastern Siberia was demonstrated. Such dynamics of the rs225014-C variant frequency in modern and ancient Siberian populations are assumed to be associated with adaptation to the environment of the Far North.
Keywords: DIO2 gene, rs225014, adaptive thermogenesis, indigenous Siberian populations

5’-Дейодиназы Dio1 и Dio2 отвечают за катализ реакции дейодирования тироксина (T4) в трийодтиронин (T3) и, тем самым, играют ключевую роль в метаболизме гормонов щитовидной железы на тканевом уровне. От активности Dio2 зависят многие метаболические функции щитовидной железы, центральной нервной системы, бурой жировой ткани (БЖТ), плаценты и скелетных мышц. Аминокислотная замена Thr92Ala, связанная с нуклеотидной заменой T→C в локусе rs225014 гена *DIO2*, относится к числу наиболее изученных вариантов полиморфизма. Это обусловлено тем, что вариант Thr92Ala может выступать в качестве потенциального фактора риска нарушений функции щитовидной железы, а также в значительной степени может быть связан с рядом метаболических заболеваний, таких как диабет 2-го типа, инсулинорезистентность, ожирение, гипертония, остеопороз. Установлено, что вариант rs225014-C (Ala92) кодирует фермент со сниженной активностью, что приводит к уменьшению скорости конверсии T4 в T3 в щитовидной железе [1].

Учитывая участие тиреоидной системы в процессах термогенеза, можно предположить, что активность фермента Dio2, регулирующего уровень T3 в клетках, в популяциях коренного населения севера и юга Сибири может различаться. Однако этот вопрос не изучен, поскольку данные о полиморфизме гена *DIO2*, и, в частности, локуса rs225014, в популяциях коренного населения Сибири практически отсутствуют. В настоящей работе нами получены данные о полиморфизме этого локуса в популяциях северной (коряков, эвенов, западных эвенков) и южной частей Сибири (шорцев, тувинцев, южных алтайцев, бурят). В анализе использованы также полученные ранее данные для популяций Северной Сибири: эскимосов, чукчей и якутов [2]. Суммарный размер

анализируемой выборки составил 790 человек (326 из северной и 464 из южной частей Сибири).

Результаты сравнительного анализа показали наличие статистически значимых различий в распределении частоты аллеля rs225014-C гена *DIO2* у коренного населения Сибири (Рисунок). На севере Сибири частота этого аллельного варианта выше, чем на юге (56.4% против 43.1%, $P < 10^{-5}$). Анализ палеогеномных данных, сгенерированных в базе данных Allen Ancient DNA Resource (https://reich.hms.harvard.edu/), продемонстрировал аналогичный тренд. У населения, жившего на севере Сибири 0.6-15.0 тыс. лет назад (для $N = 31$), частота варианта rs225014-C выше, чем у синхронного населения южной части Сибири (для $N = 176$) – 64.5% против 51%, хотя в статистическом отношении эти различия незначимы ($P = 0.1$).

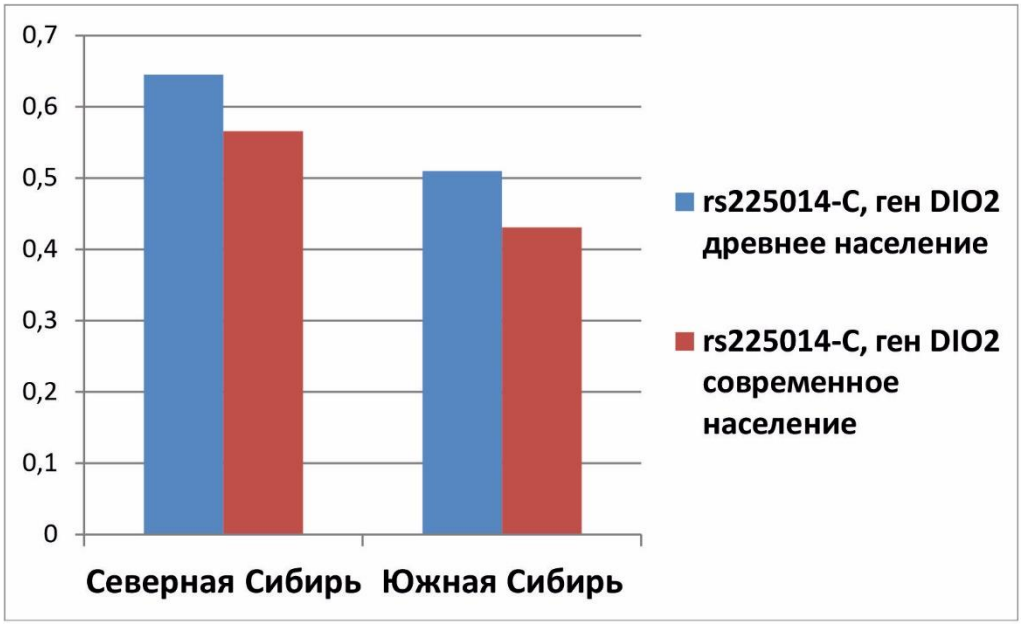


Рисунок – Распределение частоты (в %) варианта rs225014-C гена *DIO2* у современного и древнего коренного населения Сибири.

Тем не менее, полученные результаты свидетельствуют о том, что частота варианта rs225014-C гена *DIO2* у коренного населения Северной Сибири (от севера Красноярского края до Чукотки) в различные времена достигала самых высоких значений (более 50%) в сравнении с соседними регионами (36.3% в Европе, 43.3% в Восточной Азии). Одна из вероятных причин поддержания высокой частоты варианта rs225014-C в популяциях севера Сибири может быть связана с адаптацией к холоду и изменениями термогенеза. Однако увеличение в северных популяциях частоты генетического варианта, кодирующего фермент Dio2 с пониженной активностью, не кажется логичным, поскольку в условиях холода, наоборот, ожидается отбор ферментов, увеличивающих скорость конверсии T4 в T3 в щитовидной железе. Вместе с тем, в литературе имеются данные о том, что вариант rs225014-C характеризуется более высоким уровнем экспрессии – например, в хрящевой ткани при остеоартрозе [3]. Поэтому такого рода «медленнее работающий» фермент Dio2, но производящийся в большем количестве, может быть более предпочтительным в плане повышения эффективности терморегуляции в БЖТ в условиях холодового стресса. С другой стороны, связанное с вариантом rs225014-C снижение активности Dio2 приводит к уменьшению уровня экспрессии GLUT4 – инсулинозависимого переносчика глюкозы в мышечной и жировой тканях [4]. Однако уменьшение количества синтезируемого GLUT4 может быть вполне оптимальным

вариантом метаболизма при традиционном типе питания коренных народов Крайнего Севера, основанном на белково-липидной диете, практически лишенной углеводов. Тем более, что у коренных народов (эскимосов, коряков, чукчей) снижена или отсутствует активность ряда ферментов метаболизма углеводов (амилазы, сахаразы-изомальтазы, трегалазы, лактазы), что также вызвано долговременным дефицитом углеводов [5]. Конечно, в наше время, при смене типа питания и обилии углеводов в пище, все эти полезные на Крайнем Севере адаптивные изменения генома становятся для коренных жителей крайне неблагоприятными факторами, способствующими развитию резистентности к инсулину и риску развития диабета 2-го типа. Это вызывает тревогу за здоровье коренного населения Крайнего Севера.

Работа выполнена за счет гранта Российского научного фонда (проект № 25-24-00705, https://rscf.ru/project/25-24-00705/).

Список литературы

1. Butler P.W., Smith S.M., Linderman J.D. et al. The Thr92Ala 5' type 2 deiodinase gene polymorphism is associated with a delayed triiodothyronine secretion in response to the thyrotropin-releasing hormone-stimulation test: a pharmacogenomic study // Thyroid. 2010. V. 20. P. 1407-1412. DOI: 10.1089/thy.2010.0244
2. Cardona A., Pagani L., Antao T. et al. Genome-wide analysis of cold adaption in indigenous Siberian populations // PLoS ONE. 2014. V. 9. P. e98076. DOI: 10.1371/journal.pone.0098076
3. Bos S.D., Bovée J.V., Duijnisveld B.J. et al. Increased type II deiodinase protein in OA-affected cartilage and allelic imbalance of OA risk polymorphism rs225014 at DIO2 in human OA joint tissues // Ann. Rheum. Dis. 2012. V. 71. P. 1254-1258. DOI: 10.1136/annrheumdis-2011-200981
4. Ortega-Contreras B., Armella A., Appel J. et al. Pathophysiological role of genetic factors associated with gestational diabetes mellitus // Front. Physiol. 2022. V. 13. P. 769924. DOI: 10.3389/fphys.2022.769924
5. Malyarchuk B.A. Genetic features of lipid and carbohydrate metabolism in Arctic peoples // Biochemistry (Moscow). 2024. V. 89. P. 1192-1201. DOI: 10.1134/S0006297924070034

Информация об авторах
Малярчук Борис Аркадьевич, ORCID ID 0000-0002-0304-0652
Похилюк Наталья Владимировна, ORCID ID 0009-0003-5302-0347
Денисова Галина Алексеевна, ORCID ID 0000-0003-3364-7399
Литвинов Андрей Николаевич, ORCID ID 0000-0003-3107-1955

DOI: 10.48612/altuhov/2026_03-12

Геномные паттерны CNV и нарушения развития языка и речи: Исследование ассоциации в изолированной популяции

Наумова О.Ю.[1]*, Добрынин П.В.[2], Рычков С.Ю.[1], Жукова О.В.[1], Григоренко Е.Л.[2]
[1]Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова Российской академии наук, Москва, Россия
[2]Хьюстонский Университет, Хьюстон, Техас, США
**e-mail: oksana.yu.naumova@gmail.com*

Genomic CNV patterns and developmental speech and language disorders: An association study in an isolated population

Naumova O.Yu.[1]*, Dobrynin P.V.[2], Rychkov S.Yu.[1], Zhukova O.V.[1], Grigorenko E.L.[2]
[1]Vavilov Institute of General Genetics, Russian Academy of Sciences, Moscow, Russia
[2]University of Houston, Houston, Texas, USA
**e-mail: oksana.yu.naumova@gmail.com*

Резюме. Исследована ассоциация вариаций числа копий генов (CNV) с нарушениями развития языка и речи (НРЯиР) в относительно изолированной сельской популяции Европейского Севера России, характеризующейся высокой превалентностью НРЯиР. Выявлено семь статистически значимых маркеров — аутосомных CNV в локусах, ранее ассоциированных с широким спектром нарушений развития. Полученные результаты демонстрируют значимость геномных паттернов CNV для разработки шкал полигенного риска сложных фенотипов и их клинических проявлений.
Ключевые слова: изолированное сельское поселение, нарушения развития языка и речи, полноэкзомное секвенирование, вариации числа копий, CNV

Abstract. The association between copy number variations (CNVs) and developmental language disorder (DLD) was studied in a relatively isolated rural population of the European North of Russia characterized by a high prevalence of DLD. Seven statistically significant markers were identified—autosomal CNVs in loci previously associated with a broad spectrum of developmental disorders. The study results demonstrate the promise of using genomic CNV patterns to develop polygenic risk scores for complex phenotypes and their clinical manifestations.
Keywords: isolated rural settlement, developmental speech and language disorders, whole-exome sequencing, copy number variations, CNV

Нарушение развития языка и речи (НРЯиР) – это достаточно распространенное нарушение развития с частотой встречаемости 7–10% у детей. При НРЯиР наблюдаются атипичные паттерны речевого развития, не связанные с интеллектуальными или неврологическими нарушениями. Фенотипически НРЯиР отличается сложностью и характеризуется высокой степенью наследуемости. Генетическая этиология НРЯиР, имеет значительные пересечения с таковой других нарушений нейроразвития, поэтому трудности с речью и языком часто наблюдаются в семьях, отягощенных историей таких расстройств, как дислексия, аутизм и нарушения обучаемости. Лишь небольшая доля редких и тяжелых НРЯиР связана с моногенными нарушениями, в большинстве случаев НРЯиР имеют мультифакториальную природу. Они возникают в результате совокупного воздействия множества распространенных генетических вариантов в сочетании с факторами внешней среды, нарушающими типичный процесс развития головного мозга. На сегодня известны более 40 генов, патогенные варианты в которых могут рассматриваться как факторы, способствующие развитию некоморбидных форм НРЯиР в рамках мультифакториальной этиологии нарушения. Помимо нуклеотидных вариаций, у детей с НРЯиР часто выявляются специфические вариации числа копий (Copy Number Variation, CNV) и хромосомные аномалии. Было показано, что определенную роль в возникновении НРЯиР играет «общее бремя CNV» — совокупный показатель, отражающий как количество вариантов числа копий, имеющихся у конкретного индивида, так и суммарный объем геномного материала, охваченного CNV. Таким образом, установлено, что по аналогии с другими сложными нарушениями интеллектуального и когнитивного развития, НРЯиР могут быть в значительной мере связаны с CNV. Следует отметить, что исследования ассоциации НРЯиР с CNV крайне немногочисленно и, насколько нам известно, не проводились в русских популяциях.

Нами было выполнено одно из первых таких исследований, проведенное на детской выборке из сельского поселения Архангельской обл. (здесь и далее популяция AZ), в котором генетическая и средовая изменчивость существенно ограничены, а частота НРЯиР составляет свыше 30%. В работе привлечена выборка из 47 детей в возрасте от 7 до 18 лет – все дети AZ, посещающие школу, чьи родители согласились на участие в исследовании.

Для оценки уровня развития языка и речи использовалась методика нарративов – записи образцов речи, транскрипция и анализ которых проводились с использованием SALT (Systematic Analysis of Language Transcripts). Показатели были сгруппированы в 5 шкал: продуктивность, синтаксис/морфология, сложность высказывания, грамматика и семантика/прагматика. Статус индивида определялся как НРЯиР, если по крайней мере 2 из 5 шкал показали признаки наличия нарушений. Из 47 обследованных, 30 детей были классифицированы как типично развивающиеся (ТР), а 17 – были отнесены к группе с НРЯиР. В качестве источника геномной ДНК были собраны образцы слюны; полноэкзомное секвенирование проводилось на платформе Illumina HiSeq4000 в Ресурсном Центре СПбГУ “БиоБанк”. Выравнивание фрагментов секвенирования и аннотирование к GRCh37/hg19 проводились в соответствии со стандартами и рекомендациями GATK. CNV были идентифицированы с помощью алгоритмов сегментации fastseg и DNAcopy функцией exomecn.mops в R-пакете cn.MOPS v. 1.32.0. Анализ ассоциации CNV с НРЯиР проводился с помощью методов линейного дискриминантного анализа (ЛДА) и логистической регрессии (ЛРА). Применялся прямой пошаговый метод анализа; расчеты проводились в пакете TIBCO Statistica 64.

Всего у 47 детей из AZ было выявлено 45 CNV; их локализация согласно GRCh37 и распределение в индивидуальных геномах показаны в виде тепловой карты (Рисунок).

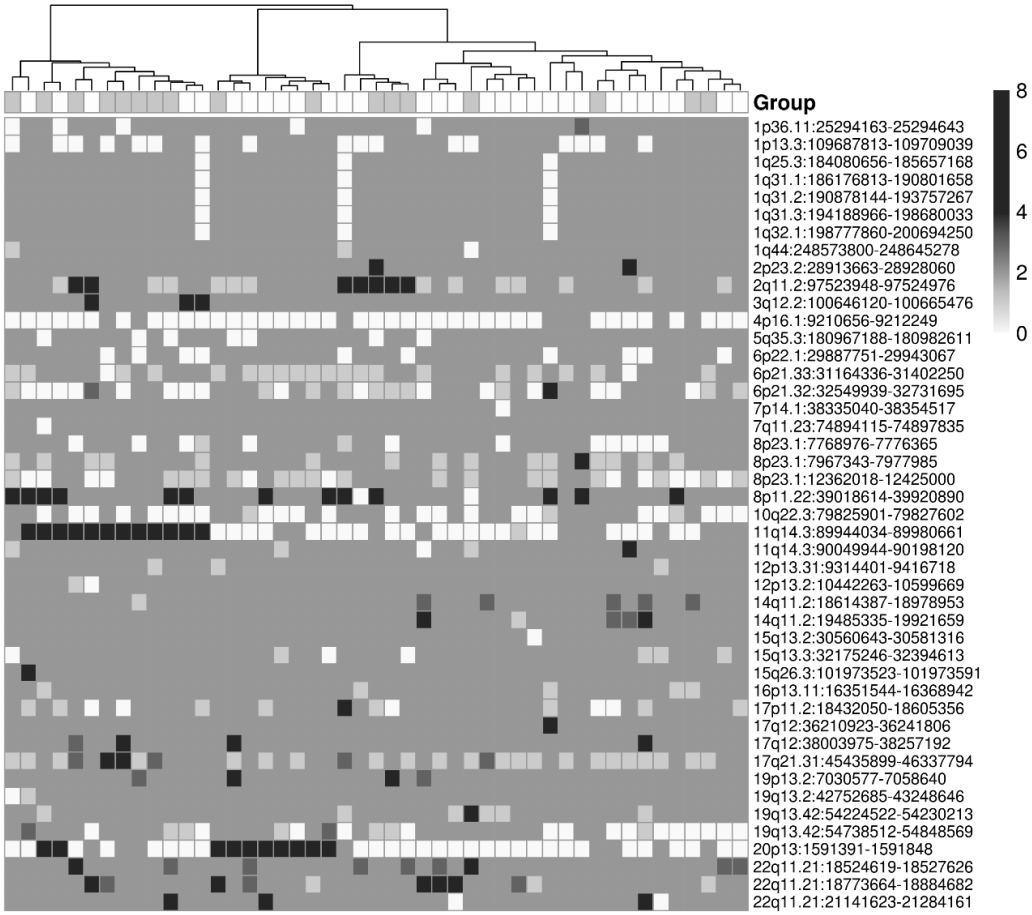


Рисунок – Тепловая карта, отражающая распределение 45 CNV (Ось Y) в индивидуальных геномах (Ось X) 47 детей из популяции AZ. Для CNV приведены цитобанды и координаты по GRCh37. Легенда к оси X показывает статус ребенка НРЯиР (серый), либо ТД (белый). CNV представлены в виде цветовой шкалы числа копий: CN0 или CN1 – гомозиготная или гетерозиготная делеция (белый и светло-серый, соответственно), соответственно, CN2 – диплоидный геном (серый), CN3 – дупликация (темно-серый), CN4 и более – амплификация (черный).

ЛДА и ЛРА консистентно указывает на значимую ассоциацию НРЯиР с вариациями числа копий в семи локусах: 2q11.2, 3q12.2, 8p23.1, 10q22.3, 11q14.3, 15q13.3 и 19q13.42. Точность прогнозирования статуса ребенка (НРЯиР либо ТР) на основе геномных паттернов CNV по результатам ЛДА составила 89 и 77 %, а по ЛРА – 90 и 79 %, для выборки в целом и для НРЯиР, соответственно. На основе статистик ЛРА и ЛДА CNV были условно отнесены к факторам риска НРЯиР, либо факторам защиты. Так, амплификации в 11q14.3 значимо (OR = 1.56, 95% CI: 1.21—2.02) повышают шансы НРЯиР; этот вариант перекрывается с участком 11q14.1-q14.3, дупликации в котором связывают с такими фенотипами как шизофрения, задержки развития, интеллектуальная недостаточность и аномальная ЭЭГ. Увеличение числа копий в 19q13.42 и 10q22.3, а также делеции в 8p23.1 и 15q13.3 также являются факторами риска НРЯиР в AZ. CNV в этих регионах известны в ассоциации с одноименными синдромами нарушений развития, в том числе интеллектуального. В то же время, CNV в 3q12.2 показал отрицательную корреляцию со статусом НРЯиР (β = –0.226, p = 0.027); дупликации в этом локусе обнаруживались только у ТР детей, причем все они несли один из вариантов риска НРЯиР – дупликацию в 11q14.3. Несомненно, данный результат может указывает не столько на «биологическую протективность» CNV в 3q12.2, а на скорее на особенности сегрегации и пенетрантности CNV в AZ, в которой специфический генетический фон модифицирует фенотипическое проявление CNV.

В целом результаты нашей работы показали, что геномные паттерны CNV-маркеров обладают высоким потенциалом для использования в молекулярно-генетической диагностике и раннем прогнозировании речевых расстройств. Использование таких маркеров возможно как *per se*, так и в качестве дополнения к классическим шкалам полигенного риска на основе однонуклеотидных замен. Известно, что применение комплексных шкал оценок генетического риска способно существенно повысить их прогностическую силу, как это было показано ранее для других сложных фенотипов и их клинических проявлений, например, для шизофрении.

Информация об авторах:
Наумова Оксана Юрьевна, ORCID ID 0000-0003-0889-526X
Добрынин Павел Владимирович, ORCID ID 0000-0001-6995-5620
Рычков Сергей Юрьевич, ORCID ID 0000-0001-8380-1476
Жукова Ольга Владимировна, ORCID ID 0000-0001-9968-3398
Григоренко Елена Леонидовна, ORCID ID 0000-0001-9646-4181

DOI: 10.48612/altuhov/2026_03-13

Молекулярно-генетические исследования риска антрациклиновой кардиотоксичности среди взрослых, перенесших в детстве острый лимфобластный лейкоз

Орлова Н.В.*, Ильенко Л.И., Тиганова О.А., Карселадзе Н.Д., Бурак М.В.
ФГАОУ ВО РНИМУ им. Н.И. Пирогова МЗ России, Москва, Россия
**e-mail: vrach315@yandex.ru*

Molecular genetic studies of the risk of anthracycline cardiotoxicity among adults who suffered from acute lymphoblastic leukemia in childhood

Orlova N.V. *, Ilyenko L.I., Tiganova O.A., Karseladze N.D., Burak M.V.
Federal State Autonomous Educational Institution of Higher Education «N.I. Pirogov Russian National Research Medical University» of the Ministry of Health of the Russian Federation, Moscow, Russia
**e -mail: vrach315@yandex.ru*

Резюме. Взрослые, перенесшие в детстве острый лимфобластный лейкоз, подвержены риску отдаленных кардиотоксических эффектов противоопухолевой терапии атрациклинами. С антрациклиновой кардиотоксичностью, как правило, рассматривают взаимосвязь генов, участвующих в метаболизме лекарственных препаратов. Потенциальная генетическая предрасположенность к заболеваниям сердечно-сосудистой системы может обуславливать повышенный риск антрациклиновой кардиотоксичности. В проведенном исследовании определены полиморфизмы генов APOA -75 G/A, APOE PI-22M/22Q, ACE I/D, IRS1 Gly972Arg, IL 10-627 A/C и TNF-α -308 TNF1/TNF2, ассоциированных с атеросклерозом и его осложнениями, которые могут быть генами-кандидатами кардиотоксичности.
Ключевые слова: Генетический статус, кардиотоксичность, антрациклины, острый лимфобластный лейкоз

Abstract. Adults who suffered from acute lymphoblastic leukemia in childhood are at risk of long-term cardiotoxic effects of antitumor therapy with atracyclines. The relationship of genes involved in drug metabolism is usually considered with anthracycline cardiotoxicity. A potential genetic predisposition to diseases of the cardiovascular system may lead to an increased risk of anthracycline cardiotoxicity. The study identified polymorphisms of APOA -75 G/A, APOE PI-22M/22Q, ACE I/D, IRS1 Gly972Arg, IL 10-627 A/C, and TNF-α- 308 TNF1/TNF2 genes associated with atherosclerosis and its complications, which may be candidate genes for cardiotoxicity.
Keywords: Genetic status, cardiotoxicity, anthracyclines, acute lymphoblastic leukemia

Кардиотоксичность – частое нежелательное явление многих групп противоопухолевых химиопрепаратов. Цитостатические антибиотики класса антрациклинов (даунорубицин, доксорубицин и эпирубицин) являются наиболее известными химиотерапевтическими препаратами с побочными эффектами со стороны сердца. Риск сердечно-сосудистых осложнений часто может быть выше, чем риск рецидива злокачественных новообразований, особенно среди взрослых пациентов. Спустя десятилетия после постановки диагноза у выживших в 15 раз возрастает частота хронической сердечной недостаточности, в 9 раз – инсульта, в 10 раз выше распространенность сердечно-сосудистых заболеваний. Острый лимфобластный лейкоз излечивается примерно у 85% детей. Значительной проблемой являются токсические эффекты применяемых препаратов, которые ухудшают качество жизни и влияют на прогноз пациентов как в остром периоде заболевания, так и в отдаленные сроки после окончания противоопухолевой терапии.

Данные анализа проведенных исследований свидетельствуют о том, что некоторые полиморфные генетические варианты изменяют риск кардиотоксичности, связанной с антрациклином и могут быть потенциальными биомаркерами для оценки риска нежелательных явлений после проведенного противоопухолевого лечения острого лимфобластного лейкоза у детей. Ассоциация с кардиотокичностью выявлена для ключевых генов биотрансформации лекарств, связанных с транспортом и метаболизмом

антрациклина. Обнаружены ассоциации с рисковыми и защитными вариантами в генах SLC28A3 rs78537585, UGT1A6 rs17863783, SULT2B1 rs10426377, CBR3 rs1056892, ABCC1 rs3743527, rs246221, rs3743527, ABCC2 rs8187710. С кардиотоксичностью могут быть связаны гены, регулирующие антиоксидантные механизмы: HAS3 rs2232228, нулевым генотипом GSTM1, NOS3 rs1799983, ABCC5 rs7627754, RAC2 rs1305833. Пациенты, получающие антрациклиновую терапию, имеют высокий риск перегрузки железом, зависящим от трансфузии, а люди с вариантами гена HFE могут быть в группе наибольшего риска. Ферменты, кодируемые генами CYP, также участвуют в метаболизме арахидоновой кислоты, метаболиты которой, как считается, участвуют в патофизиологии кардиотоксичности. Интронный вариант C>T (rs4646450) в CYP3A5 связан с примерно 7-кратным увеличением вероятности кардиотоксичности.

Таким образом, с антрациклиновой кардиотоксичностью, как правило, рассматривают ассоциацию генов, участвующих в метаболизме лекарственных препаратов. В тоже время известно, что кардиотоксичность у детей зависит от суммарной дозы антрациклинов свыше 300 мг/м², облучения средостения в суммарной очаговой дозе выше 30 Гр, наличия отягощенного кардиологического анамнеза и/или высокого риска сердечно-сосудистых осложнений (дислипидемия, ожирение, артериальная гипертензия, сахарный диабет, наличие заболеваний сердечно-сосудистой системы в семье), а также высокий риск имеют пациенты без выраженных факторов риска, но с потенциальной генетической предрасположенностью к заболеваниям сердечно-сосудистой системы.

Нами было проведено определение полиморфизмов генов, ассоциированных с развитием атеросклеротического поражения сердца с развитием осложнений. В исследование включены 80 пациентов, старше 18 лет с подтвержденным диагнозом ишемической болезни сердца с атеросклеротическим поражением коронарных артерий на коронароангиографии и 50 человек группы контроля. Определение генов APOA -75 G/A, APOE PI-22M/22Q, ACE I/D, IRS1 Gly972Arg, IL 10-627 A/C и TNF-α -308 TNF1/TNF2 проводили методом полимеразной цепной реакции, было использовано 6 пар синтезированных праймеров, специфичных для каждого полиморфного варианта. Было установлено, что с ишемической болезнью сердца ассоциированы: генотип A/A гена APOA1, генотип D/D гена ACE, генотип TNF2/ TNF2 гена TNF-a, аллель A гена IL-10. Генотип A/A гена APOA1, генотипа D/D гена ACE, генотип A/A гена IL-10 преобладают среди больных с атеросклерозом с сопутствующими ожирением и сахарным диабетом 2 типа. Риск развития раннего инфаркта миокарда (до 50 лет) выше у пациентов с носительством генотипа Q/Q гена APOE, D/D гена ACE, Gly/Gly гена IRS1.

В дальнейшем нами планируется продолжить молекулярно-генетические исследования на популяции взрослых, перенесших в детстве острый лимфобластный лейкоз и сопоставить наличие поздних кардиотоксических осложнений с генами APOA -75 G/A, APOE PI-22M/22Q, ACE I/D, IRS1 Gly972Arg, IL 10-627 A/C и TNF-α -308 TNF1/TNF2, для которых мы выявили ассоциацию с риском развития коронарного атеросклероза и его осложнений.

Информация об авторах:
Орлова Наталья Васильевна, ORCID ID 0000-0002-4293-3285
Ильенко Лидия Ивановна, ORCID ID 0000-0001-8375-4569
Тиганова Ольга Александровна, ORCID ID 0000-0002-7833-935X
Карселадзе Наталья Джимшеровна, ORCID ID 0000-0001-8124-109X
Бурак Марина Владимировна

DOI: 10.48612/altuhov/2026_03-14

Анализ генетического статуса в выборке пациентов с артериальной гипертензией; взаимосвязь с риском развития преэклампсии

Спирякина Я.Г.*, Орлова Н.В., Ильенко Л.И., Наздрачева М.Р., Лебедева С.Ю., Ибрагимова А.М., Белов А.И., Аляутдинова И.А.
ФГАОУ ВО РНИМУ им. Н.И. Пирогова МЗ России, Москва, Россия
**e-mail: vrach315@yandex.ru*

Analysis of genetic status in a sample of patients with arterial hypertension; relationship with the risk of developing preeclampsia

Spiryakina Ya.G.*, Orlova N.V., Ilenko L.I., Nazdracheva M.R., Lebedeva S.Yu., Ibragimova A.M., Belov A.I., Alyautdinova I.A.
Federal State Autonomous Educational Institution of Higher Education «N.I. Pirogov Russian National Research Medical University» of the Ministry of Health of the Russian Federation, Moscow, Russia
**e-mail: vrach315@yandex.ru*

Резюме. Проведено изучение генетического статуса пациентов с артериальной гипертензией. Генетический анализ включал определение полиморфизма генов: *AGT: 704 T>C, AGT: 521 C>T, AGTR1: 1166 A>C , AGTR2: 1675 G>A, NOS3: -786 T>C, NOS3: 894 G>T* у 126 больных с артериальной гипертонией и 30 здоровых. В результате проведенного исследования выявлена протективная роль аллеля Т гена *AGT (T704C),* аллеля *G* и генотипов *GG* и *GA* полиморфизма гена *AGTR2 (G1675A).* Ассоциация с генотипами *CT* и *TT* гена *AGT (C521T),* генотипа *CC* гена *AGTR1 (A1166C),* генотип *AA* гена *AGTR2 (G1675A),* доминантных аллелей и генотипов *NOS3: 786 T>C* и доминантного генотипа *NOS3: 894G > T* с риском развития артериальной гипертонии.
Ключевые слова: генетический статус, артериальная гипертония, осложнения, беременность, преэклампсия

Abstract. The genetic status of patients with arterial hypertension was studied. The genetic analysis included the determination of gene polymorphisms: *AGT: 704 T>C, AGT: 521 C>T, AGTR1: 1166 A>C, AGTR2: 1675 G>A, NOS3: -786 T>C, NOS3: 894 G>T* in 126 patients with arterial hypertension and 30 healthy. The study revealed the protective role of the *T* allele of the *AGT* gene *(T704C),* the *G* allele, and the *GG* and *GA* genotypes of the *AGTR2* gene polymorphism *(G1675A).* Association with *CT* and *TT* genotypes of the *AGT* gene *(C521T), CC* genotype of the *AGTR1* gene *(A1166C), AA* genotype of the *AGTR2* gene *(G1675A),* dominant alleles and genotypes *NOS3: 786 T >C* and dominant genotype *NOS3: 894G > T* with the risk of arterial hypertension.
Keywords: genetic status, arterial hypertension, complications, pregnancy, preeclampsia

Артериальная гипертония одно из самых распространенных сердечно-сосудистых заболеваний, приводящих к различным осложнениям, в т.ч. инфаркту миокарда, инсульту, развитию сердечной недостаточности. Артериальная гипертония у беременных приводит к развитию преэклампсии, ассоциированной с прерыванием беременности, гибелью плода и основной причиной материнской смертности. Среди факторов риска развития сердечно-сосудистых заболеваний важное значение имеет наследственность. Наследование артериальной гипертонии выявляют у 35–50% пациентов. Сердечно-сосудистую патологии большинство исследователей относятся к мультифакторным заболеваниям или болезням с наследственным предрасположением с многочисленными звеньями патогенеза. Поиск генетической составляющей мультифакторных заболеваний направлен

на выявление полиморфных маркеров в генах-кандидатах, участвующих в патогенезе заболевания и определение степени их ассоциации с данной патологией. В научной литературе выделены более 1500 генетических полиморфизмов, ассоциированных с различной регуляцией АД. Поскольку ведущая роль в регуляции АД отводится ренин-ангиотензиновой системе, наиболее изучены гены этой системы: ген *ACE*, ген *AGT*, ген *AGTR1*, ген *AGTR2* и другие.

В проведенном нами исследовании изучена взаимосвязь артериальной гипертонии с полиморфизмами генов ренин-ангиотензин-альдостероновой системы: *AGT: 704 T>C, AGT: 521 C>T, AGTR1: 1166 A>C , AGTR2: 1675 G>A, NOS3: -786 T>C, NOS3: 894 G>T* среди европейской популяции г. Москвы. Нами обследованы 126 пациентов с артериальной гипертонией и 30 условно здоровых человек (группа контроля) в возрасте 25-50 лет с низким риском сердечно-сосудистых осложнений. Генетический анализ включал определение полиморфизма генов: *AGT, AGTR1, AGTR2, NOS3 (T786C), NOS3 (G894T)* с применением набора реактивов «КардиоГенетика Гипертония» РУ2010/08414 (производство компании ООО «НПО ДНК - Технология»). Полиморфизмы генов определялись методом ПЦР в реальном времени. Исследование проведено в "Клинике новых медицинских технологий АрхиМед".

В результате проведенного исследования выявлено, что носительство аллеля *T* гена *AGT (T704C)* имеет протективное значение в развитии артериальной гипертонии. Генотипы *CT* и *TT* гена *AGT (C521T)* достоверно чаще встречаются у гипертоников, что может говорить о неблагоприятном влиянии аллеля *T* на развитие гипертонии. Носительство генотипа *CC* гена *AGTR1 (A1166C)* может предрасполагать к артериальной гипертонии. Установлено, что наличие аллеля *G* и генотипов *GG* и *GA* полиморфизма гена *AGTR2 (G1675A)* уменьшает риск развития гипертонии, а генотип *AA* может быть ассоциирован с артериальной гипертонией.

Одним из важных гуморальных механизмов регуляции артериального давления является концентрация оксида азота. Снижение оксида азота приводит к вазодилатации, увеличению периферического сосудистого сопротивления и повышению уровня артериального давления. Синтез оксида азота имеет сложную регуляцию, в т.ч. связанную с генетическими полиморфизмами. В результате проведенного нами генетического анализа выявлена ассоциация доминантных аллелей и генотипов *NOS3: 786 T>C* и доминантного генотипа *NOS3: 894G > T* с риском развития артериальной гипертонии.

В настоящее время выделены более 60 генов на основе патофизиологии преэклампсии. которые могут влиять на ее развитие. Наиболее перспективными направлениями является изучение генов, участвующих в регуляции кровяного давления (ангиотензиноген, ангиотензинпревращающий фермент и рецепторы ангиотензина), наследственные тромбофилии (лейденский вариант фактора свертывания крови V, протромбин и метилентетрагидрофолатредуктаза), гены, регулирующие расширение сосудов (эндотелиальная синтезатаза оксида азота, *eNOS*). Литературные данные свидетельствуют, что преэклампсия является иммунной дезадаптацией из-за дефектного взаимодействия между антигенами плода и иммунными клетками матери, что ограничивает установление иммунной толерантности к нормальной плаценте. В связи с этим перспективными могут быть гены воспаления: *TNFα, IFN-γ, IL-1, IL-4, IL-10* и др.

В дальнейшем планируется продолжить молекулярно-генетические исследования с включением беременных женщин с нормально протекающей беременностью, с артериальной гипертонией беременных и преэклампсией. Планируется определить

взаимосвязь полиморфизмов генов ренин-ангиотензиновой системы и оксида азота с риском осложнений беременности и родов, включая преэклампсию, состоянием плода и новорожденного.

Информация об авторах:
Спирякина Яна Геннадьевна, ORCID ID 0000-0002-1006-4118
Орлова Наталья Васильевна, ORCID ID 0000-0002-4293-3285
Ильенко Лидия Ивановна, ORCID ID 0000-0001-8375-4569
Наздрачева Майя Романовна
Лебедева Светлана Юрьевна, ORCID ID 0000-0002-2581-8533
Ибрагимова Амина Магомедрасуловна
Белов Александр Игоревич
Аляутдинова Ирина Анисимовна, ORCID ID 0000-0003-3076-2180

DOI: 10.48612/altuhov/2026_03-15

Динамика генофондов населения мегаполисов под действием миграции в связи с разработкой генетических баз данных

Удина И.Г.[1]*, Скалин М.Д[1]., Губина М.А.[2], Грачева А.С.[1], Янковский Н.К.[1,3]
[1]*Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова РАН, Москва, Россия*
[2]*Федеральный исследовательский центр Институт цитологии и генетики СО РАН, Новосибирск, Россия*
[3]*Московский государственный университет им. М.В. Ломоносова, Москва, Россия*
**e-mail: irina_udina@mail.ru*

Dynamics of gene pools of megapolis population under action of migration in connection with developing genetic and reference data bases

Udina I.G.[1]*, Skalin M.D.[1], Gubina M.A.[2], Gracheva A.S.[1], Yankovsky N.K.[1,3]
[1]*Vavilov Institute of General Genetics, Russian Academy of Sciences, Moscow, Russia*
[2]*Federal Research Center Institute of Cytology and Genetics of the Siberian Department of the Russian Academy of Sciences, Novosibirsk, Russia*
[3]*M.V. Lomonosov Moscow State University, Moscow, Russia*
**e-mail: irina_udina@mail.ru*

Резюме. В выборках из трех самых крупных мегаполисов на территории Российской Федерации (Москвы, Санкт-Петербурга и Новосибирска) изучены 18 STR Y-хромосомы и нуклеотидные последовательности ГВСI и ГВСII мтДНК, для старшего и младшего поколения Москвы изучены также 27 аутосомных STR. Проведено генетико-демографическое анкетирование, по данным которого охарактеризованы параметры миграции. Гаплогруппы Y-хромосомы и мтДНК определены с помощью Интернет-предикторов. Особенности распространения аутосомных STR, гаплогрупп Y-хромосомы и мтДНК в изученных выборках рассмотрены с учетом миграции, сделан вывод о необходимости создания отдельных генетических и референтных баз данных для каждого мегаполиса в связи с фактором миграции, изменяющимся в поколениях.
Ключевые слова: мегаполис, миграция, ДНК-маркеры, базы данных

Abstract. In the samples from the three largest megalopolises on the territory of the Russian Federation (Moscow, Sankt-Petersburg and Novosibirsk), STR Y-chromosome and nucleotide sequences of HVSI and HVSII of mtDNA were studied, in the samples from the old and young generations of Moscow, 27 autosomal STR were studied. Haplogroups of Y-chromosome and mtDNA were detected using Internet-predictors. In the samples studied, peculiarities of distribution of autosomal STR, haplogroups of Y-chromosome and mtDNA were considered in connection with migration factor changing over generations, a conclusion was made about the necessity of developing genetic and reference data bases for each megalopolis.

Keywords: megalopolis, migration, DNA-markers, data bases

Научные исследования особенностей урбанизированных популяций, включая изучение генетико-демографических процессов и динамики генофонда населения мегаполисов проводились на протяжении нескольких десятилетий в лаборатории популяционной генетики под руководством и при непосредственном участии академика Ю.П. Алтухова. На основе многолетнего изучения столичного мегаполиса д.б.н. Курбатова и к.б.н. Победоносцева разработали методологию изучения динамики генофонда населения мегаполиса под действием генетико-демографических процессов [1]. Мегаполисы представляют специфический новый в историко-эволюционном плане тип популяционной структуры, для которого все еще не разработаны адекватные модели и методы изучения. Своеобразие отдельного мегаполиса обусловлено историей заселения территории, размером и географическим положением, а также его экономической, социальной и политической значимостью. Генофонд населения подвержен действию генетико-демографических процессов, среди которых миграция является основным фактором динамики генофонда населения мегаполиса [2]. Параметры миграции и специфичная область миграционного притяжения мегаполиса оказывают существенное влияние на динамику генофонда. Основные черты мегаполисов – это большой объем населения (1 миллион или больше); полиэтничность; высокий процент межэтнических браков; высокий уровень миграции; территориальная подразделенность населения; воспроизводство населения за счет внешней миграции. Отмечены неоднородность расселения этнических групп по городской территории и различия между поколениями по этническому составу и генетическому разнообразию. В данном исследовании генетико-демографический анализ населения мегаполисов проведен в связи с созданием референтных баз данных с учетом динамики генофондов под действием миграции.

Формирование мегаполисов – отличительная черта современного развития многих стран. В настоящее время на территории Российской Федерации 16 мегаполисов: Москва, Санкт-Петербург, Новосибирск, Нижний Новгород, Екатеринбург, Самара, Омск, Казань, Челябинск, Ростов-на-Дону, Уфа, Волгоград, Пермь, Красноярск, Воронеж, Краснодар. В этих мегаполисах проживает около 30% всего городского населения страны и 24% всех россиян.

В мегаполисах велика востребованность ДНК-идентификации в связи с техногенными катастрофами, угрозами террористических атак, поиском потерянных людей и погибших на войне, установлением родства. Базы данных по ДНК-маркерам необходимы для судебной экспертизы в криминалистике, для установления родства по мужской и женской линиям, Референтная база данных (РБД) эквивалентна репрезентативной популяционной базе данных по судебным ДНК-маркерам, отражающей генетическое разнообразие популяции. Для создания РБД используют аутосомные STR-локусы - высоко полиморфные и стабильные. В качестве дополнительных систем используют: Y-STR - для анализа мужской линии (например, в криминалистике при судебной экспертизе), мтДНК (митохондриальная ДНК): для анализа родства по материнской линии или сильно деградированной ДНК SNP (Single Nucleotide Polymorphisms – однонуклеотидные полиморфизмы) применяют для прогнозирования внешности, происхождения или анализа сложных смесей.

Целью исследования было изучение генетической дифференциации выборок из населения трех мегаполисов по маркерам Y-хромосомы и мтДНК, а для выборок из двух поколений москвичей еще и по аутосомным STR с учетом миграции.

Материалы и методы. В выборках из населения Москвы (два поколения «старшее» и «младшее»), Новосибирска и Санкт-Петербурга изучены 18 STR Y-хромосомы [3], нуклеотидные последовательности ГВСI и ГВСII, в выборках из старшего и младшего поколения москвичей изучены также 27 аутосомных неCODIS STR [3]. Генотипирование 18 STR-локусов Y-хромосомы проведено на базе ООО «Гордиз» с помощью мультиплексной ПЦР с применением флуоресцентно-меченных праймеров. Аналогично

изучено 27 аутосомных STR. Определение гаплогрупп Y-хромосомы выполнено на основе 18 STR-гаплотипов, а гаплогрупп мтДНК на основе нуклеотидных последовательностей ГВСI и ГВСII с помощью Интернет-предикторов. Для статистической обработки материала использовали стандартные программы [4].

Ранее изучены генетико-демографические процессы в изученных выборках из населения мегаполисов [5]. Установлены различные области миграционного притяжения для трех мегаполисов, что предполагает необходимость создания отдельных референтных баз данных для каждого мегаполиса. Исследования по этнической топографии мегаполисов служат обоснованием для создания референтных баз данных по районам или округам мегаполисов.

Распределение гаплогрупп Y-хромосомы в изученных мегаполисах соответствует структуре русского генофонда [6]. Выявлены значимые различия по представленности «южных по происхождению» гаплогрупп (C3, G2a, G2c, J1, J2, L, O2, O3, Q, R2, T) между разными поколениями Москвы и между выборками из разных мегаполисов (Таблица).

Таблица – Параметры, изученные в населении мегаполисов*

Параметр	Значение параметра			
	Москва		Санкт-Петербург	Новосибирск
	«Старшая» выборка	«Младшая» выборка		
Коэффициент миграции (m)	0,485	0,649	0,356	0,300
Доля «южных по происхождению» гаплогрупп Y-хромосомы	11,2%	21%	16%	3,4%
Доля восточно-евразийских гаплогрупп мтДНК	3,4%	7,4%	4,05	10,1%**

Примечание. * – Данные цитируются по Udina et al., 2026; **- новые данные.

Показано накопление “южных по происхождению” гаплогрупп Y – хромосомы, которое обусловлено миграцией, наиболее выраженное в «младшей» московской выборке [4]. Выборка из Новосибирска достоверно отлична от «младшей» выборки из Москвы и от выборки из Санкт-Петербурга (Fst=0.0078, p<0.05 и Fst=0.0087, p<0.05, соответственно) по частотам гаплогрупп Y-хромосомы. Сравнительный анализ двух московских выборок по 27 аутосомным STR-локусам не выявил статистически значимых различий (Fst = 0.00079, p < 0.05) [4, 7]. Рассмотрены соотношения восточно-евразийских и западно-евразийских гаплогрупп мтДНК в изученных выборках (Таблица).

Заключение. Показана различная динамика изученных ДНК-маркеров под действием миграции. Продемонстрирована необходимость создания отдельных баз данных для каждого мегаполиса, а также их обновления в связи с динамикой генофонда под действием миграции.

Исследование выполнено в рамках Работа выполнена в рамках государственного задания № 125040404873-4 «Изучение генетического полиморфизма клетки, организма и популяции для разработки новых генетических технологий».

Список литературы

1. Курбатова О.Л., Победоносцева Е.Ю. Урбанизированные популяции // Динамика популяционных генофондов при антропогенных воздействиях. М.: Наука, 2004. С. 433–516.
2. Курбатова О.Л., Янковский Н.К. Миграция – основной фактор популяционной динамики городского населения России // Генетика. 2016. Т. 52. № 7. С. 831-851. DOI: 10.7868/S0016675816070067
3. Udina I.G., Gubina M.A., Gracheva A.S. Genetic Differentiation of Populations of Three Megalopolises by DNA Markers of the Y-Chromosome in Connection with the Problem of Developing Genetic Database// OBM Genetics,2026; 10(1): 324; DOI: 10.21926/obm.genet.2601324

4. Skalin M. D., Gracheva A. S., Udina I. G., and Yankovsky N. K. Population Genetic Characteristics of 27 Autosomal STRs in the Moscow Residents // Russian Journal of Genetics, 2026, Vol. 62, No. 4, pp. 529–537. DOI:10.1134/S1022795425701820
5. Грачева А.С., Удина И.Г., Победоносцева Е.Ю., Котова С.А., Цыбовский И.С., и др. Генетико-демографические процессы в населении мегаполисов на территории Союзного государства России и Республики Беларусь // Генетика. 2025. Т. 61. № 11. С. 100-106. DOI:10.7868/s303451032510112
6. Балановская Е.В., Балановский О.П. Русский генофонд на Русской равнине. М.: Луч, 2007. 416 с.
7. Удина И.Г., Скалин М.Д. Губина М.А., Грачева А.С. Динамика генофонда населения мегаполиса по 18 STR Y-хромосомы и 27 аутосомным STR под действием миграции // Медицинская генетика. 2026;25(4): 52-55. DOI: 10.25557/2073-7998.2026.04.52-55

Информация об авторах:
Удина Ирина Геннадьевна, ORCID ID 0000-0002-0620-945X
Скалин Максим Дмитриевич, ORCID ID 0009-0007-3116-6985
Губина Марина Александровна, ORCID ID 0000-0002-6285-4162
Грачева Алеся Сергеевна, ORCID ID 0000-0003-1361-6085
Янковский Николай Казимирович, ORCID ID 0000-0002-2467-2683

DOI: 10.48612/altuhov/2026_03-16

Микроэволюционные процессы в коренных сибирских популяциях

Ульянова М.В.*, Мейер А.В., Имекина Д.О.
Кемеровский государственный медицинский университет, Кемерово, Россия
**e-mail: ulmar2003@mail.ru*

Microevolutionary Processes in Indigenous Siberian Populations

Ulyanova M.V.*, Meyer A.V., Imekina D.O.
Kemerovo State Medical University, Kemerovo, Russia
**e-mail: ulmar2003@mail.ru*

Резюме. Проведенное исследование выявило различные микроэволюционные модели в коренных сибирских популяциях в условиях деформации соотношения полов. Татарская популяция перешла на постиндустриальную модель, небиологические факторы (искусственное регулирование рождаемости) занимают лидирующую позицию. В шорской популяции наблюдается максимальное давление естественного отбора. В хакасской популяции на первый план выходит поток генов, выражающийся в усилении межэтнического смешения.
Ключевые слова: естественный отбор, дрейф генов, индекс Кроу, этническая эндогамия

Abstract. The study revealed various microevolutionary patterns in indigenous Siberian populations under conditions of sex ratio distortion. The Tatar population has transitioned to a post-industrial model, with non-biological factors (artificial birth control) playing a leading role. The Shor population exhibits the greatest natural selection pressure. In the Khakass population, gene flow, manifested in increased interethnic mixing, is prominent.
Keywords: natural selection, genetic drift, Crow index, ethnic endogamy

Проблема трансформации популяционных генофондов особенно важна для локальных сельских популяций коренных сибирских этносов, проживающих, как правило, на территориях с полиэтничным населением. Поддержание адаптивного уровня генетического разнообразия во многом определяется демографическими процессами в популяции. Такие генетико-демографические параметры как половозрастная структура,

брачная структура, репродуктивный и эффективный размер популяции, репродуктивные характеристики (исходы беременностей, дорепродуктивные потери) используются для оценки факторов микроэвоюции.

Исследование проводилось в Таштагольском районе Кемеровской области (ареал расселения шорцев), Орджоникидзевском районе Республики Хакасия (ареал расселения хакасов-качинцев), Томском районе Томской области (ареал расселения томских сибирских татар). Источником информации послужили данные книг похозяйственного учета (10396, 2941, 4533 записей, соответственно для шорской, хакасской и татарской групп) и стандартизованные анкеты для женщин с истекшим репродуктивным периодом (86, 135 и 78 анкет, соответственно для трех популяций).

Изучение генетически значимых демографических характеристик в трехпоколенной динамике в трех локальных сибирских популяциях выявило как схожие тренды развития, так и абсолютно различные модели отбора. Во всех популяциях фиксируется дисбаланс в соотношении полов в сторону дефицита женщин и рост числа смешанных браков. Самый низкий эффективно-репродуктивный объем и выраженный избыток мужчин выявлен в хакасской группе (Таблица). Снижение частоты однонациональных браков в таком случае направлено на нивелирование эффектов дрейфа генов и поддержание приемлемого уровня генетического разнообразия. В популяции томских сибирских татар наблюдается аналогичная ситуация: избыток мужчин татарской национальности ведет к росту межнациональных браков, доля однонациональных браков снизилась за три поколения с 96.17% до 73.84%. В шорской популяции дисбаланс полов фиксируется только в последнем исследуемом временно периоде (2010-е годы), несмотря на дефицит женского пола уровень этнической эндогамии остается на высоком уровне (87.02% однонациональных браков).

Таблица – Генетико-демографические параметры в коренных сибирских популяциях

Параметр	Популяция		
	Шорцы	Хакасы	Томские татары
Доля эффективного объема (Ne/Nt)	0,49	0,42	0,47
Соотношение полов (СП)	1,39	1,63	1,54
Этническая эндогамия, %	87,02	53,70	73,84
Среднее число детей в семье	4,52	2,86	2,53
Дисперсия (ν) среднего числа детей	7,61	1,77	0,99
Индекс плодовитости (I_f)	0,52	0,24	0,02
Индекс смертности (I_m)	0,14	0,08	0,05
Тотальный индекс Кроу (I_{tot})	0,79	0,35	0,07

Примечание: СП указано для репродуктивной части популяции

Роль естественного отбора в микроэволюции исследованных локальных популяций радикально различна, в нашем исследовании она оценивалась с использованием индекса Кроу. В шорской популяции величина индекса смертности выросла за поколение с 0,13 до 0,17, что свидетельствует о небольшой дифференциальной смертности. Индекс плодовитости вырос за это же время практически в два раза (с 0,23 до 0,53), дисперсия увеличилась с 6,36 до 7,61. Индекс тотального отбора изменился с 0,39 до 0,79. Таким образом, шорская популяция эволюционирует классическим путем за счет высокой дисперсии плодовитости. В хакасской популяции детская смертность минимальна и практически не влияет на величину отбора. Значение индекса плодовитости несколько увеличилось за поколение с 0,19 до 0,24, дисперсия стабильно низкая (1,79 и 1,77). Давление естественного отбора на хакасскую популяцию остается очень низким. Динамика давления естественного отбора у томских татар принципиально отличается от

таковой в двух других сибирских популяциях. Индекс смертности снизился за поколение в три раза – с 0,15 до 0,05. Вероятно, это связано в первую очередь с доступностью медицинских услуг, населенные пункты, где расселены томские татары, располагаются в непосредственной близости к областному центру – г. Томск. Индекс плодовитости показал резкое падение (с 0,32 до 0,02 за поколение), также резко снизилась дисперсия (с 3,41 до 0,99), что означает отсутствие роли дифференциальной плодовитости как микроэволюционного фактора. Индекс тотального отбора снизился с 0,52 до 0,07, что свидетельствует об отсутствии естественного отбора как микроэволюционного фактора в данной популяции. Однако, такая парадоксальная ситуация, требует, по нашему мнению, уточнения и дополнительного изучения.

Таким образом, проведенное исследование показало, что хакасская популяция теряет генетическую индивидуальность (почти половина всех браков с участием хакасов являются смешанными) из-за выраженного дисбаланса полов. Аналогичная ситуация по соотношению полов фиксируется и в популяции томских сибирских татар, но в данном случае наблюдается строгое ограничение рождаемости и нивелирование действия естественного отбора. Шорцы являются группой с высоким уровнем эндогамии, но находятся под сильным давлением отбора.

Информация об авторах:
Ульянова Марина Владиславовна, ORCID ID 000-0002-7945-566X
Мейер Алина Викторовна, ORCID ID 0000-0001-9952-7854
Имекина Дарья Олеговна, ORCID ID 0000-0002-0927-4855

DOI: 10.48612/altuhov/2026_04-01

Цитологические причины и механизмы гибридной стерильности у представителей двух таксонов грызунов (Rodentia): кустарниковых полевок (*Microtus,* Terricola) и домовых мышей (*Mus*) фауны России

Баскевич М.И.*, Сафронова Л.Д., Котенкова Е.В., Мальцев А.Н.
Институт проблем экологии и эволюции им. А.Н. Северцова РАН, Москва, Россия
**e-mail: mbaskevich@mail.ru*

Cytological causes and mechanisms of hybrid sterility in representatives of two rodent taxa (Rodentia): pine voles (*Microtus*, Terricola) and house mice (*Mus*) of the fauna of Russia

Baskevich M.I.*, Safronova L.D., Kotenkova E.V., Maltsev A.N.
Severtsov Institute of Ecology and Evolution RAS, Moscow, Russia
**e-mail: mbaskevich@mail.ru*

Резюме. Представлены новые и анализируются известные данные по кариологии (рутинная окраска хромосом, *G-, C-* banding) у кариологически дискретных видов-двойников кустарниковых полевок Кавказа: кустарниковой *M. (T.) majori* и дагестанской *M. (T.) daghestanicus* из зоны их симпатрии при отсутствии гибридов в природе. Обобщены сведения об экспериментальной гибридизации видов-двойников, свидетельствующие о полной стерильности самцов и почти полной утрате фертильности самок F1. Представлены сведения о мейотических нарушениях, выявленных (ЭМ) в сперматоцитах стерильного возвратного (B1) гибрида [♀ F1 x ♂*M. (T.) daghestanicus*] в профазе 1 мейоза, проявляющихся, преимущественно, в нарушении синапсиса некоторых аутосомных бивалентов, в редких ассоциациях одного их половых унивалентов с единичным аутосомным бивалентом, а также с поведением полового тельца на стадии поздней пахитены. Асинаптическое поведение унивалентов половых хромосом в профазе 1 мейоза у стерильного возвратного гибрида *Terricola* соответствует таковому у фертильных форм кустарниковых полевок. Для сравнения исследованы с помощью световой микроскопии и анализа СК распластанных ядер сперматоцитов мейотические нарушения на стадиях диакинеза и средней пахитены у половозрелого стерильного самца экспериментального гибрида F1 домовых мышей от межвидового скрещивания между дико живущим видом *Mus spicilegus* и синантропным видом *Mus musculus*.s.str. (использован подвид *M. m. wagneri*). Кариотипы этих представителей *Mus* сходны на уровне рутинной и G-окраски хромосом и незначительно различаются по особенностям C-окраски хромосом. Показано, что мейотические нарушения на стадиях средней пахитены и диакинеза профазы 1 мейоза у исследованного стерильного самца гибрида F1 домовых мышей связаны с асинаптическим поведением Х-и У-хромосом, тогда как для фертильных родительских форм *Mus* на этих стадиях мейоза характерно синаптическое поведение половых хромосом.
Ключевые слова: Terricola, Mus, кариотипы, мейоз, нарушения, гибридная стерильность

Abstract. New data on karyology (routine staining of chromosomes, G-, C- banding) are presented and analyzed in karyologically discrete sibling species of pine voles of the Caucasus: pine *M. (T.) majori* and Dagestan *M. (T.) daghestanicus* voles from the zone of their sympathy in the absence of hybrids in nature. Information on experimental hybridization of sibling species is summarized, indicating complete sterility of males and almost complete loss of fertility of *F1* females. Information on meiotic disorders detected (EM) in spermatocytes of sterile reverse (B1) hybrid [♀ F1 x ♂ *M. (T.) daghestanicus*] in prophase 1 of meiosis, manifested mainly in

violation of the synapsis of some autosomal bivalents, in rare associations of one of their sexual univalents with a single autosomal bivalent, as well as with the behavior of the sex vesicle at the stage of late pachytene. Asynaptic behavior of sex chromosome univalents in meiotic prophase 1 of B1 *Terricola* hybrid is consistent with that of fertile forms of pine voles. For comparison, meiotic disorders at the stages of diakinesis and middle pachytene in a sexually mature sterile male of house mice experimental hybrid F1 from interspecies crossing between a wildly living species *Mus spicilegus* and a synanthropic species *M. musculus* s. str. (used subspecies *M. m. wagneri*) was investigated using light microscopy and SC analysis of spread spermatocyte nuclei. The karyotypes of these *Mus* representatives are similar at the level of routine and G-banding of chromosomes and differ slightly in the features of C-banding of chromosomes. It was shown that meiotic disorders at the stages of middle pachytene and diakinesis of prophase 1 of meiosis in the studied sterile male F1 hybrid of house mice are associated with asynaptic behavior of X and Y chromosomes, while fertile parent forms of *Mus* at these stages of meiosis are characterized by synaptic behavior of sex chromosomes.
Keywords: Terricola, Mus, karyotypes, meiosis, disorders, hybrid sterility

Среди постзиготических механизмов репродуктивной изоляции выделяется гибридная стерильность, в первую очередь, связанная с нарушениями мейоза у гибридных самцов, течение которого в ходе сперматогенеза у гибридов может быть нарушено либо генными факторами, либо же различиями в строении хромосом. В настоящем сообщении на примере представителей двух таксонов грызунов фауны России: кустарниковые полевки, подрод *Terricola* рода *Microtus* и домовые мыши р. *Mus* - предпринята попытка оценить цитологические межвидовые различия в этих таксонах грызунов в качестве одной из причин формирования и проявления гибридной стерильности у их гибридов при межвидовой гибридизации внутри сравниваемых таксонов. В качестве первой модели использованы кариологически дискретные виды-двойники кустарниковых полевок Кавказа *Microtus (Terricola) majori* (2n=54, NF=60) и *M. (T.) daghestanicus* (2n=54, NF=58) [1], наши данные; а второй – сходные на уровне рутинной и G-окраски хромосом и лишь незначительно различающиеся по характеру С-окраски хромосом виды домовых мышей *Mus spicilegus* (2n=40, NF=40) и *M. musculus* s. str. (использован подвид *M.m. wagneri*) (2n=40, NF=40). Мы сравнили С- и G-окрашенные кариотипы видов-двойников кустарниковых полевок из зоны их контакта (окрестности пос. Верхний Архыз). С помощью G-окраски хромосом нами показано, что кариотипы *M. (T.) majori* (2n=54, NF=60) и *M. (T.) daghestanicus* (2n=54, NF=58) различаются двумя перестройками типа изменения положения центромеры в двух первых парах аутосом, представленных двуплечими элементами у *M. (T.) majori* и акроцентриками у *M.(T.) daghestanicus,* перицентрической инверсией в 26-й паре аутосом и парацентрической инверсией Х-хромосомы, находящей отражение и в характере С-окраски этой гетерохромосомы. Основные межвидовые хромосомные отличия по характеру С-окраски хромосом проявляются в количестве аутосомального гетерохроматина (у *M. (T.) majori* прицентромерный гетерохроматин обнаруживается лишь в 10 парах, у *M. (T.) daghestanicus* – практически во всех парах аутосом), и в особенностях его локализации в Х-хромосоме. Найденные нами хромосомные различия между сосуществующими видами-двойниками кустарниковых полевок могут рассматриваться как постзиготические изолирующие механизмы, поддерживающие видовую обособленность данных видов-двойников в зоне их контакта. В природе межвидовая гибридизация между видами-двойниками кустарниковых полевок Кавказа не обнаружена [1], а результаты их экспериментальной гибридизации свидетельствуют о полной стерильности самцов и почти полной утрате фертильности самок F1 [2, 3]. Цитологические механизмы гибридной

стерильности у кустарниковых полевок были исследованы с помощью ЭМ анализа СК в сперматоцитах возвратного (В1) гибрида [♀ F1 х ♂*M. (T.) daghestanicus*] в профазе 1 мейоза. Мейотические нарушения у исследованного самца В1 проявлялись, преимущественно, в нарушении синапсиса некоторых аутосомных бивалентов, в редких ассоциациях одного их половых унивалентов с единичным аутосомным бивалентом, а также с поведением полового тельца на стадии поздней пахитены. Асинаптическое поведение унивалентов половых хромосом в профазе 1 мейоза у стерильного возвратного гибрида *Terricola* соответствует таковому у фертильных форм кустарниковых полевок, что характерно и для других представителей р. *Microtus* [4]. 40-хромосомные кариотипы использованных нами в ходе экспериментальной гибридизации представителей р. *Mus* различаются по некоторым особенностям локализации гетерохроматина (ГХР). Ранее на гибридах некоторых обитающих в естественных условиях форм и лабораторных мышей были получены сведения, указывающие на возможную связь между ГХР и гибридной стерильностью [5], поэтому можно предположить, что связанные с вариабельностью ГХР хромосомные отличия между исследованными нами формами домовых мышей могут служить дополнительным фактором, инициирующим мейотические нарушения у стерильных межвидовых самцов-гибридов. При исследовании мейоза (СМ, анализ СК распластанных сперматоцитов) у стерильных межвидовых самцов-гибридов *F1* от скрещивания ♂ *M. m. wagneri* на ♀ *M. spicilegus* в средней пахитене и в диакинезе профазы 1 наблюдали нарушения в мейозе, которые заключались в асинаптическом поведении Х- У-хромосом, тогда как у фертильных родительских форм унивалеты половых хромосом синаптировали. Другие мейотические нарушения у исследованного стерильного самца гибрида F1 нами не наблюдались.

Полученные результаты демонстрируют различия в цитологических причинах и механизмах гибридной стерильности у представителей двух таксонов грызунов (Rodentia): кустарниковых полевок (*Microtus,* Terricola) и домовых мышей (*Mus*) фауны России

Список литературы

1. Баскевич М.И. Сравнительный анализ особенностей сперматозоидов и кариотипов у трех видов кустарниковых полевок: Terricola majori, *T. daghestanicus, T. subterraneus* (Rodentia, Cricetidae) с территории бывшего СССР // Зоол. журн., 1997. Т. 76, № 5. С. 597-607.
2. Мамбетов А.Х., Дзуев Р.И. Таксономические аспекты гибридизации рода *Pytimys* Кавказа // Проблемы горной экологии. Нальчик: Изд-во КБГУ. 1988. С. 29-57.
3. Малыгин В.М., Левенкова Е.С., Ахвердян М.Р., Сафронова Л.Д. 2000. Сравнение СК самцов-гибридов кавказских кустарниковых полевок (Rodentia, Microtinae, *Terricola*) в контексте изучения гибридной стерильности // Зоол. Журн. 2000. Т. 79.№ 3.С.348-356.
4. Borodin P.M., Sablina O.V., Rodionova M.I. Patterns of X-Y-chromosome pairing in microtine rodents // Hereditas. 1995. V. 123. P. 17-23.
5. Бородин П.М., Горлов И.П. Цитогенетические последствия гибридизации между дикими и лабораторными мышами // Генетика. 1986. Т. 22. Вып. 5. С. 855-860.

Информация об авторах:
Баскевич Марина Исаковна, ORCID ID 0000-0002-0632-4949
Сафронова Лариса Дмитриевна, ORCID ID 0000-0002-9460-3974
Котенкова Елена Владимировна, ORCID ID 0000-0001-8545-0999
Мальцев Алексей Николаевич, ORCID ID 0000-0003-2308-8589

DOI: 10.48612/altuhov/2026_04-02

Генетическая изменчивость плоскочерепной полевки *Alticola strelzowi* (Kastschenko, 1899) в восточной части ареала

Блехман А.В.[1], Головчан Н.Н.[2], Тухбатуллин А.Р.[1], Капустина С.Ю.[1], Ондар С.О.[3], Путинцев Н.И.[3,4], Банникова А.А.[5], Брандлер О.В.[1,*]

[1]*Институт биологии развития им. Н.К. Кольцова РАН, Москва, Россия*

[2]*Факультет биологии Падуанского университета, Падуя, Италия*

[3]*Центр биосферных исследований Республики Тыва, Кызыл, Россия*

[4]*Тувинский государственный университет, Кызыл, Россия*

[5]*Биологический факультет Московского государственного университета им. М.В. Ломоносова, Москва, Россия*

**e-mail: rusmarmot@yandex.ru*

Genetic variability of the Flat-headed vole *Alticola strelzowi* (Kastschenko, 1899) in the eastern part of its range

Blekhman A.V.[1], Golovchan N.N.[2], Tukhbatullin A.R.[1], Kapustina S.Yu.[1], Ondar S.O.[3], Putincev N.I.[3,4], Bannikova A.A.[5], Brandler O.V.[1,*]

[1]*Koltzov Institute of Developmental Biology of Russian Academy of Sciences, Moscow, Russia*

[2]*Department of Biology, University of Padua, Padua, Italia*

[3]*Center for biosphere research of the Republic of Tuva, Kyzyl, Russia*

[4]*Tuva State University, Kyzyl, Russia*

[5]*Faculty of Biology, Lomonosov Moscow State University, Moscow, Russia*

**e-mail: rusmarmot@yandex.ru*

Резюме. Впервые исследована изменчивость мтДНК в популяциях плоскочерепной полёвки *Alticola* (*Platicranius*) *strelzowi* (Mammalia: Rodentia) восточной части ареала по гену цитохрома *b* (*cytb*) и субъединицы I гена цитохром оксидазы (*COI*). Выявлено разделение на три филетические линии, две из которых соответствуют подвидам *A. s. strelzowi* и *A. s. desertorum*, а третья, предположительно, неописанной форме плоскочерепной полевки подвидового уровня, обитающей на Танну-Ола. Предположено существование позднеплейстоценовых изолятов на юго-восточном Алтае, Танну-Ола и Монгольском Алтае. Подвидовая систематика *A. strelzowi* требует ревизии с вовлечением большего числа выборок из других частей ареала.

Ключевые слова: Platicranius, изменчивость митохондриальных генов, филогеография, Алтае-Саянская горная страна

Abstract. The variability of mtDNA in populations of the flat-headed vole *Alticola (Platicranius) strelzowi* (Mammalia: Rodentia) from the eastern part of its range was studied for the first time using the cytochrome *b* (*cytb*) and cytochrome *c* oxidase subunit I (*COI*) genes. The data revealed a division into three phyletic lineages, two of which correspond to the subspecies *A. s. strelzowi* and *A. s. desertorum*, while the third presumably represents an undescribed subspecies-level form of the flat-headed vole inhabiting the Tannu-Ola Mountains. The existence of Late Pleistocene isolates in the southeastern Altai, Tannu-Ola, and Mongolian Altai is suggested. The subspecies taxonomy of *A. strelzowi* requires revision involving a larger number of samples from other parts of the range.

Keywords: Platicranius, mitochondrial genes, phylogeography, Altai-Sayan mountain country

Плоскочерепная полевка *Alticola strelzowi* (Kastschenko, 1899) (Mammalia: Rodentia) является одним из представителей Нагорно-Азиатского фаунистического комплекса в Алтае-Саянской горной стране и является фоновым видом горных экосистем во многих

частях своего ареала, а также выступает объектом противочумного мониторинга. Несмотря на высокую экологическую и прикладную значимость, внутривидовая изменчивость и генетическая структура плоскочерепной полевки изучена слабо. Подвидовая систематика плоскочерепной полевки, основанная на морфологической изменчивости, довольно противоречива. Единственное исследование внутривидовой генетической изменчивости *A. strelzowi,* по частичной последовательности цитохрома *b* (*cytb*) ограниченной выборки, показало наличие двух генетически отличных кластеров плоскочерепной полевки, соответствующих по мнению авторов подвидам *A. s. strelzowi* и *A. s. desertorum*. [1].

Нами были изучены генетическая изменчивость и популяционно-генетические характеристики *A. s. strelzowi* популяций восточной части ареала, включающей территории Тувы и Монголии по двум митохондриальным маркерам: полной последовательности цитохрома *b* (*cytb*) и 5'- фрагменту субъединицы I цитохром оксидазы (*COI*). Также в анализ были включены все доступные нуклеотидные последовательности из GenBank NCBI с аннотированной географической локализацией образцов.

Материалом для исследования послужили образцы тканей 84 особей *A. strelzowi* из коллекций тканей диких животных Института биологии развития им. Н.К. Кольцова РАН (КТЖ ИБР, рег. номер 3579666) и Зоомузея МГУ. Сборы проводились из 6 природных локальных популяций, отнесенных нами к трем географическим популяциям: Алтайской (Алт), Танну-Ола (ТО) и Монгольского Алтая (МА).

Амплификацию *cytb* и *COI* проводили с опубликованными ранее парами праймеров L14727-SP и H15915-SP и CO1-AF и R1182-Etal, соответственно. Секвенирование по Сенгеру проводили в ЦКП ИБР РАН. Филогенетический анализ методом максимального правдоподобия (ML) проводили в IQ-TREE v2.3.6 для двух типов последовательностей: *cytb* (862 п.н.) с включением в анализ 14 последовательностей из GenBank NCBI и 79 конкатенированных последовательностей *cytb* (1140 п.н.) - *COI* (936 п.н.) общей длиной 2076 п.н., медианная сеть конкатенированных гаплотипов была построена по алгоритму median joining (MJ) в программе HaplowebMaker.

Конкатенированные последовательности образовали 44 гаплотипа. Анализ полиморфизма ДНК в программе DnaSP выявил 76 нуклеотидных замен в 74 полиморфных сайтах (*S*), 52 из которых были парсимониально информативны. Гаплотипическое разнообразие объединенной выборки (*Hd*) составило 0,973 (S.D.: 0,007), нуклеотидное разнообразие (π) – 0,00648 (S.D.: 0,00036), среднее число нуклеотидных различий (*k*) – 13,454. Филогенетический анализ конкатенированных последовательностей выявил три географически дифференцированные филетические линии с высокой поддержкой, строго ассоциированные с выделенными нами географическими популяциями (Алт, ТО, МА). Отсутствие общих гаплотипов и сопоставимый уровень генетических различий свидетельствуют о независимой эволюции популяций в данных регионах в течение сходного периода времени. Высокие статистические поддержки основных ветвей филогенетического дерева в сочетании с низкими поддержками базальных узлов свидетельствуют об относительно быстрой дивергенции географических популяций. Структура медианной сети гаплотипов поддерживает этот вывод, демонстрируя эволюцию гаплогрупп от одного гипотетического гаплотипа.

Результаты анализа внутри и межпопуляционной изменчивости свидетельствуют о происхождении географической популяции Алт в целом от предковых популяций с низким значением эффективной численности, а также ее недавнюю экспансию и быстрое

расширение ареала. Анализ дифференциации (попарные $F_{ST)}$ локальных и географических популяций выявил однородность Алт при ее высокой дифференциации с популяциями ТО и МА, которые также высоко дифференцированы между собой.

Можно предположить, что распространение этого вида на Алтае происходило под влиянием позднеплейстоценовых оледенений и ограничивалось его юго-восточной частью, где сохранялись участки свободные ото льда [2]. При этом вероятно формирование изолятов как на Монгольском Алтае, так и на Танну-Ола. Высокая дифференциация популяций Монгольского Алтая от полевок Казахского мелкосопочника и Калбинского Алтая может свидетельствовать о сравнительно длительной изоляции этих частей ареала. Дифференциация между популяциями Алтая и Танну-Ола может происходить и поддерживаться под влиянием линеамента, распложенного на границе Алтая и Саян [3].

Результаты филогенетического анализа коротких последовательностей *cytb* (862 п.н.) показывают, что образцы из алтайских популяций кластеризуются с образцами, относящимися к подвиду *A. s. strelzowi* [1]. Образцы из популяций Монголии и Танну-Ола формируют высоко поддержанные кластеры. При этом образцы из Монгольского Алтая объединяются с образцами из Казахстана, представляющими подвид *A. s. desertorum* [1]. Однако наши результаты не поддерживают представления С.И. Огнева [4] и И.М. Громова и М.А. Ербаевой [5], но частично согласуются с представлениями Лопатиной Н.В. [6] в оценке границ распространения подвидов. Распространение *A. s. strelzowi* может включать всю территорию Алтая, за исключением южной части, Монгун-Тайгу и прилегающие территории северо-западной Монголии. Подвид *A. s. desertorum* занимает западную и южную части ареала, включая Монгольский Алтай. Танну-Ола, вероятно, населяет неописанный подвид плоскочерепной полевки. Подвидовая систематика *A. strelzowi* требует дополнительной ревизии с вовлечением большего числа выборок из других частей ареала.

Работа поддержана разделами Госзаданий ИБР РАН № 0088-2024-0011 и МГУ, а также грантом РНФ №26-14-00006.

Список литературы

1. Чертилина О.В., Симонов Е.П., Лопатина Н.В., Литвинов Ю.Н. Генетическое разнообразие плоскочерепной полевки (*Alticola strelzowi* (Kastschenko, 1899)) по данным об изменчивости гена цитохрома *b* // Генетика. 2012. Т. 48. № 3. С. 352–360. (*Chertilina O.V., Simonov E.P., Lopatina N.W., Litvinov Yu.N.* Genetic diversity of flat-headed vole (*Alticola strelzowi* (Kastschenko, 1899)) inferred from cytochrome *b* variation // Rus. J. Gen. 2012. V. 48. № 3. P. 302–309. DOI: 10.1134/S1022795412030027)
2. Lehmkuhl F., Klinge M., Stauch G. The extent and timing of Late Pleistocene Glaciations in the Altai and neighbouring mountain systems // Developments in quaternary sciences. 2011. V. 15. P. 967–979.
3. Малолетко А.М. Морфоструктура Алтайской и Саянской горных систем // Изв. Алтайского гос. унив. 2001. №. 3. С. 052–055.
4. Огнев С.И. Звери СССР и прилежащих стран. Т. 7. М.-Л.: Изд-во АН СССР, 1950. 720 с.
5. Громов И.М., Ербаева М.А. Млекопитающие фауны России и сопредельных территорий. Зайцеобразные и грызуны. СПб.: Наука, С.-Петерб. отд., 1995. 522 с.
6. Лопатина Н.В. Морфологическая изменчивость плоскочерепной полевки (*Alticola strelzowi* Kastsch., 1899) // Териофауна России и сопредельных территорий. Материалы IX съезда Териол. общ-ва при РАН. М.: КМК, 2011. С. 284–285.

Информация об авторах:
Блехман Алла Вениаминовна, ORCID ID 0000-0002-5878-304X
Головчан Никита Николаевич
Тухбатуллин Андрей Робертович, ORCID ID 0000-0001-8217-2225

Капустина Светлана Юрьевна, ORCID ID 0000-0002-4517-0738
Ондар Сергей Октяевич
Путинцев Николай Иванович
Банникова Анна Андреевна, ORCID ID 0000-0002-5264-4065
Брандлер Олег Владимирович, ORCID ID 0000-0003-0658-9680

DOI: 10.48612/altuhov/2026_04-03

Новые данные о вторичном контакте ледниковых линий гольцов рода *Salvelinus*: факты и гипотезы

Бондарь Е.И.*, Олейник А.Г., Кухлевский А.Д.
Национальный научный центр морской биологии им. А. В. Жирмунского Дальневосточного отделения Российской академии наук, Владивосток, Россия
**e-mail: jaja@list.ru*

New data on secondary contact of glacial lineages of charrs, genus *Salvelinus*: facts and hypotheses

Bondar E.I.*, Oleinik A.G., Kukhlevsky A.D.
A.V. Zhirmunsky National Scientific Center of Marine Biology, Far Eastern Branch, Russian Academy of Sciences, Vladivostok, Russia
**e-mail: jaja@list.ru*

Резюме. На основе комплексного подхода, объединяющего анализ контрольного региона мтДНК и микросателлитных локусов, уточнено историческое распространение Арктической и Берингийской линий, в том числе за границами современных ареалов видов гольцов рода *Salvelinus*. На основе закономерностей распространения, топологии филогенетической сети и современных знаний об истории оледенения, протестированы филогеографические модели, предполагающие исторический вторичный контакт линий. Предложены вероятные источники и возможные пути колонизации водоемов, находящиеся на границе позднего висконсинского оледенения.
Ключевые слова: вторичный контакт, историческая гибридизация, интрогрессия, митохондриальная ДНК, микросателлитные локусы, *Salvelinus*

Abstract. The historical distribution of the Arctic and Beringian lineages, including species of the genus Salvelinus beyond the modern ranges, was refined using a complex approach that combined analysis of the mtDNA control region and microsatellite loci. Based on the distribution patterns, phylogenetic network topology, and current knowledge of the glaciation history, phylogeographical models suggesting historical secondary contact between lineages were tested. Probable sources and colonization routes for basins bordering the late Wisconsinan glaciation were proposed.
Keywords: secondary contact, historical hybridization, introgression, mitochondrial DNA, microsatellite loci, genus *Salvelinus*

В условиях глобального изменения климата взгляды многих ученых направлены на решение вопросов, связанных с реконструкцией эволюционной и демографической истории различных таксонов, моделированием смещения ареалов и анализом адаптационного потенциала видов. Основное внимание приковано к регионам с историческим оледенением (например, в Северной Америке, Европе и высокоширотных районах северной части Тихого океана), для которых убедительно показано, что разнообразие и распределение ихтиофауны в глобальном масштабе определяются четвертичными климатическими циклами [1].

Проблемы влияния оледенения, геологических/климатических изменений на историческое расселение пресноводной ихтиофауны, а также *взаимодействия различных филогенетических линий (образования зон вторичного контакта, гибридизации и интрогрессии)* для Северо-Востока России *находятся в начале своего решения.* Сейчас уже понятно, что вторичный контакт может иметь несколько возможных последствий: от строгой репродуктивной изоляции до полной фиксации интрогрессированной мтДНК (митохондриального захвата) одного вида в популяциях другого. Изучение зон вторичного контакта способствует пониманию многих аспектов микроэволюции, механизмов внутривидовой дифференциации, гибридизации, а также может выявить факторы, способствующие видообразованию. Знание зон вторичного контакта также может стать основой для реконструкции исторических ареалов и границ распространения видов [2, 3].

На основе комплексного подхода, объединяющего анализ контрольного региона мтДНК и микросателлитных локусов ядерной ДНК, были задокументированы множественные контактные зоны между филогенетическими линиями гольцов рода *Salvelinus*. Несоответствие между данными мтДНК и ядерными маркерами предоставило доказательства исторической интрогрессии мтДНК на Западной Чукотке, материковом побережье Охотского моря и тихоокеанском побережье Северной Америки. Обнаружены различные последствия вторичного контакта Берингийской и Арктической линий: (1) полная фиксация интрогрессированной мтДНК; (2) сохранение нескольких линий мтДНК при отсутствии современного потока генов в жилых популяциях гольцов.

Географическое положение зон вторичного контакта гольцов рода *Salvelinus* по обеим сторонам Тихого океана хорошо вписывается в общую схему образования ледниковых щитов в плейстоцене [4] по границе позднего висконсинского оледенения (широта 50° с.ш.). В эту область попадают озерные популяции гольцов с побережий Охотского моря и Северной Америки. Обосновано существование нескольких основных зон вторичного контакта на территории Берингийского рефугиума, однако в ряде случаев «митохондриальный захват» мог иметь локальный характер. На основе закономерностей распространения, топологии филогенетической сети и современных знаний об истории оледенения предложены вероятные источники и возможные пути колонизации водоемов региона.

Список литературы

1. Hewitt G.M. The structure of biodiversity - insights from molecular phylogeography // Frontiers in Zoology. 2004. V. 1. № 1. P. 1-16.
2. Oleinik A.G., Bondar E.I., Kukhlevsky A.D., Skurikhina L.A., Kovpak N.E. Introgressive hybridization between two phylogenetic lineages of charrs (*Salvelinus*, Salmonidae) in northeastern Asia // Journal of Zoological Systematics and Evolutionary Research. 2021. V. 59. № 8. P. 2119-2133.
3. Weiss S., Secci-Petretto G., Antonov A., Froufe E. Multiple species of grayling (*Thymallus* sp.) found in sympatry in a remote tributary of the Amur River // Zoologica Scripta. 2020. V. 49. № 1. P. 117-128.
4. Pielou E.C. After the Ice Age: The return of life to glaciated North America. Chicago: University of Chicago Press, 1991. 376 p.

Информация об авторах:
Бондарь Евгения Игоревна, ORCID ID 0000-0001-7873-9372
Олейник Алла Геннадьевна, ORCID ID 0000-0003-4790-0578
Кухлевский Андрей Данилович, ORCID ID 0000-0001-6408-1362

DOI: 10.48612/altuhov/2026_04-04

Генетическая изменчивость обыкновенного слепыша *Spalax microphthalmus* (Rodentia, Spalacidae) и описание нового вида *Spalax lyapunovae* sp. nov. с Северного Кавказа

Брандлер О.В.[1,*], Тухбатуллин А.Р.[1], Капустина С.Ю.[1], Матвеевский С.Н.[2], Темботова Ф.А.[3], Пузаченко А.Ю.[4]

[1]*Институт биологии развития им. Н.К. Кольцова РАН, Москва, Россия*

[2]*Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова РАН, Москва, Россия*

[3]*Институт экологии горных территорий им. А.К. Темботова РАН, Нальчик, Россия*

[4]*Институт географии РАН, Москва, Россия*

**e-mail: rusmarmot@yandex.ru*

Genetic variation of the common mole rat *Spalax microphthalmus* (Rodentia, Spalacidae) and description of a new species *Spalax lyapunovae* sp. nov. from the North Caucasus

Brandler O.V.[1,*], Tukhbatullin A.R.[1], Kapustina S.Yu.[1], Matveevsky S.N.[2], Tembotova F.A.[3], Puzachenko A.Yu.[4]

[1]*Koltzov Institute of Developmental Biology, Russian Academy of Sciences, Moscow, Russia*

[2]*Vavilov Institute of General Genetics, Russian Academy of Sciences, Moscow, Russia*

[3]*Tembotov Institute of Ecology of Mountain Territories, Russian Academy of Sciences, Nalchik, Russia*

[4]*Institute of Geography, Russian Academy of Sciences, Moscow, Russia*

**e-mail: rusmarmot@yandex.ru*

Резюме. Систематика слепышей (Spalacinae) является дискуссионной. Внутривидовая изменчивость обыкновенного слепыша (*Spalax microphthalmus*) – широкоареального вида, обладающего отличным от других слепышей кариотипом (2n = 60 против 2n = 62 у остальных), изучена недостаточно. Анализ хромосомной, молекулярной и морфологической изменчивости по всему ареалу *S. microphthalmus* в сочетании со сравнительным анализом рода *Spalax* выявил устойчивые различия на видовом уровне по молекулярно-генетическим данным, кариотипу и краниальной морфологии северокавказских популяций. На основании этих результатов данная линия описана как новый вид *Spalax lyapunovae* sp. nov., что увеличивает число современных видов *Spalax* до девяти.

Ключевые слова: таксономия, видообразование, ДНК-маркеры, кариотип, морфометрия, европейская фауна, слепыш Ляпуновой

Abstract. The systematics of blind mole rats (Spalacinae) remains debated. Intraspecific variation of the greater blind mole rat (*Spalax microphthalmus*), a widespread species with a karyotype distinct from that of other blind mole rats (2n = 60 versus 2n = 62 in the others), remains insufficiently studied. Analysis of chromosomal, molecular, and morphological variation across the entire range of *S. microphthalmus*, combined with a comparative analysis of the genus *Spalax*, revealed consistent species-level differences in molecular genetic data, karyotype, and cranial morphology of North Caucasian populations. Based on these results, this lineage has been described as a new species, *Spalax lyapunovae* sp. nov., increasing the number of extant *Spalax* species to nine.

Keywords: taxonomy, speciation, DNA markers, karyotype, morphometry, European fauna, Lyapunova's blind mole rat

Систематика слепышей (Spalacinae) — группы высокоспециализированных подземных грызунов — остается предметом дискуссий. В пределах рода *Spalax*

обыкновенный слепыш (*Spalax microphthalmus*) выделяется уникальным диплоидным числом хромосом (2n = 60 против 2n = 62 у остальных) [1] и наиболее обширным географическим ареалом. Однако его внутривидовая изменчивость как морфологическая, так и генетическая изучена недостаточно. Предыдущие находки особей с 2n = 62 на Северном Кавказе приписывались хромосомному полиморфизму в пределах *S. microphthalmus* [2]. Таксономическая неопределенность северокавказских слепышей (2n = 62) представляет собой одну из нерешенных проблем как в таксономии *S. microphthalmus*, так и в систематике *Spalax*. В данном исследовании мы провели комплексный анализ молекулярной, хромосомной и морфологической изменчивости по всему ареалу *S. microphthalmus* в сочетании со сравнительным анализом рода *Spalax*.

Были изучены хромосомные наборы десяти особей слепышей из пяти местонахождений в пределах ареала *S. microphthalmus* sensu lato, включая пять особей из окрестностей г. Кисловодска на Северном Кавказе. Выполнены рутинное и дифференциальные G и C окрашивания хромосом. У двух самцов с 2n = 60 и 2n = 62 были изучены синаптонемные комплексы (СК) методом микроспрединга.

Кариотипы слепышей из окрестностей Кисловодска имели 2n = 62, NFa = 120 и NF = 124 и в целом соответствуют ранее описанному с Северного Кавказа [2], за исключением соотношения метацентриков к субметацентрикам. Блоки гетерохроматина были обнаружены в центромерных районах всех, за исключением самой мелкой пары субметацентриков. X-хромосома имела крупный прицентромерный блок, а Y-хромосома была почти полностью гетерохроматизирована. Кариотипы *S. microphthalmus* из других локалитетов имели 2n = 60, NFa = 116 и NF = 120 и были сходны с ранее описанным для *S. microphthalmus* [1].

Сперматоциты 60-хромосомного слепыша демонстрировали 29 аутосомных бивалентов, что позволило идентифицировать 29 полностью сформированных СК и половой бивалент на стадии пахитены. У 62-хромосомного слепыша формировались 30 аутосомных бивалентов, и соответственно на стадии пахитены различались 30 полных СК и половой бивалент.

Филогенетический анализ проводили методом максимального правдоподобия (ML) и байесовского анализа (BI) на основе последовательностей митохондриального гена цитохрома *b* (*cyt b*) и ядерного гена *IRBP*. Генетические различия оценивали по *p*-дистанциям и Kimura 2-параметрическим дистанциям (K2p) для полноразмерных последовательностей *cyt b*. Для *S. microphthalmus* (2n = 60) были оценены показатели генетической изменчивости *cyt b*.

Топологии ML и BI филогенетических деревьев как митохондриального, так и ядерного генов оказались сходными (Рисунок). В то время как все изученные виды *Spalax* образовывали статистически хорошо поддерживаемые ветви на всех деревьях, статистическая поддержка для глубоких узлов на ML деревьях была низкой или пограничной. Хорошо дифференцированные ветви 62-х и 60-хромосомных обыкновенных слепышей группировались вместе в общую кладу во всех анализах.

Высокое гаплотипическое (*Hd*) и низкое нуклеотидное разнообразие (π), относительно высокий коэффициент экспансии (S/k) и результаты тестов на нейтральность, в сочетании с низким уровнем внутривидовой генетической изменчивости и отсутствием филогеографической структуры позволяют предположить, что современный ареал *S. microphthalmus* сформировался в результате быстрого расселения из

одного или нескольких небольших рефугиумов в исторически недавнее время, вероятно в среднем голоцене.

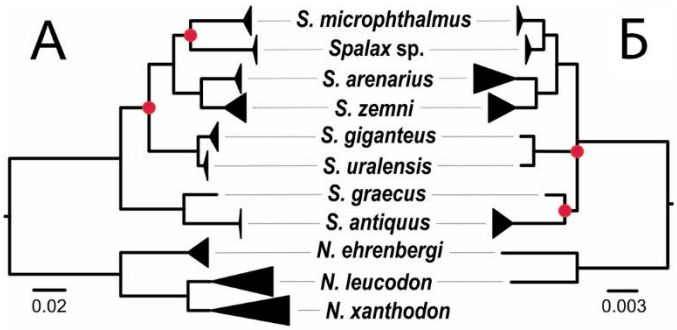


Рисунок – Филогенетические BI деревья слепышей на основе А митохондриального гена *cyt b* и Б ядерного гена IRBP. Узлы с низкой статистической поддержкой отмечены красной точкой. *Spalax* sp. – северокавказский слепыш (2n=62).

Все виды *Spalax* демонстрировали значительную генетическую дифференциацию по *p*-дистанциям. Несмотря на большой ареал, *S. microphthalmus* показал удивительно низкую внутривидовую генетическую изменчивость. Его среднее генетическое расстояние на основе *cyt b* было сравнимо с таковыми у близкородственных узкоареальных видов, таких как *S. arenarius*, *S. graecus* и *S. antiquus*.

Северокавказские слепыши имеют в среднем наименьший размер черепа среди современных *Spalax*. При этом были обнаружены отклонения от аллометрических соотношений во многих промерах черепа, не только по сравнению с *S. microphthalmus*, но и по отношению к другим видам рода. Таким образом, череп этих слепышей является не просто «уменьшенной копией» черепа обыкновенного слепыша или любого другого вида, а демонстрирует набор специфических и оригинальных признаков. Череп и зубы северокавказской формы с 2n = 62 сохраняют несколько предковых признаков рода *Spalax*.

Полученные результаты показывают, что северокавказские популяции (2n = 62) демонстрируют устойчивые различия на видовом уровне по молекулярно-генетическим данным (от 8% до 12% дивергенции по *cyt b*), кариотипу и краниальной морфологии, что отличает их от *S. microphthalmus* и всех остальных представителей рода. Эта линия также обладает уникальным сочетанием морфологических признаков, включая черты, сближающие ее с гипотетическим общим предком всех современных видов *Spalax*. На основании объединенных данных данная линия описана как новый вид: *Spalax lyapunovae* sp. nov., что увеличивает число современных видов *Spalax* до девяти [3]. Этот вновь описанный вид, эндемичный для центральной части Северного Кавказа, требует дальнейших исследований его экологии и распространения. Учитывая его предположительно ограниченный ареал, необходима срочная оценка его природоохранного статуса.

Список литературы

1. L'apunova E.A., Voroncov N.N., Martynova L.Ya. Cytogenetical differentiation of burrowing mammals in the Palaearctic // Proc. of Symp. Theriologicum II; 22-26 Nov 1971, Brno, Chechoslovakia. Praha: Publ. house of the Čechoslovak Acad. of Sciences, 1974, P. 203–215.
2. Дзуев Р.И., Шарибова А.Х., Бицуев Т.М. К популяционной изменчивости параметров тела и черепа слепыша обыкновенного *Spalax microphthalmus* Guld. (Rodentia, Spalacidae) в условиях северного макросклона Центрального Кавказа // Доклады АМАН. 2025. Т. 25. С. 30–44. DOI: 10.47928/1726-9946-2025-25-1-30-44
3. Brandler O.V., Tukhbatullin A.R., Kapustina S.Y., Matveevsky S.N., Tembotova F.A., Puzachenko A.Y. Integrative systematics of large-bodied blind mole rats (Rodentia: Spalacidae: *Spalax*) with

description of *Spalax lyapunovae* sp. nov. from the North Caucasus // Vertebrate Zoology. 2026. V. 76. P. 247–274. DOI: 10.3897/vz.76.e180973

Информация об авторах:
Брандлер Олег Владимирович, ORCID ID 0000-0003-0658-9680
Тухбатуллин Андрей Робертович, ORCID ID 0000-0001-8217-2225
Капустина Светлана Юрьевна, ORCID ID 0000-0002-4517-0738
Матвеевский Сергей Николаевич, ORCID ID 0000-0002-5808-7685
Темботова Фатимат Асланбиевна, ORCID ID 0000-0001-8068-7647
Пузаченко Андрей Юрьевич, ORCID ID 0000-0002-5923-6363

DOI: 10.48612/altuhov/2026_04-05

Современные представления о видовом разнообразии и генетическая дивергенция у щиповок рода *Sabanejewia* (Actinopteri: Cobitidae); механизмы видообразования

Васильева Е.Д.[1,*], Соловьева Е.Н.[1], Васильев В.П.[2]
[1]Зоологический музей, Биологический факультет, Московский государственный университет им. М.В. Ломоносов, Москва, Россия
[2]Институт проблем экологии и эволюции им. А.Н. Северцова РАН, Москва, Россия
** e-mail: vas_katerina@mail.ru*

Current concepts of species diversity and genetic divergence in spined loaches of the genus *Sabanejewia* (Actinopteri: Cobitidae); mechanisms of speciation

Vasil'eva E.D.[1,*], Solovyeva E.N.[1], Vasil'ev V.P. [2]
[1]Zoological Museum, Biological Department, Moscow State University, Moscow, Russia
[2]Severtsov Institute of Ecology and Evolution, Russian Academy of Science, Moscow, Russia
** e-mail: vas_katerina@mail.ru*

Резюме. В настоящее время признаются 13 валидных видов в роде *Sabanejewia.* Филогенетическая реконструкция подтвердила монофилию семи основных эволюционных линий мтДНК: *S. caspia*, *S. larvata*, *S. romanica*, *S. vallachica*, *S. kubanica*, «дунайско-балканский комплекс» и группа *S. baltica* / *S. maeotica* / *S. aurata* / *S. caucasica* / *S. aralensis*. Наблюдающаяся относительно низкая дивергенция подклад в последней филетической линии указывает на недавнюю генетическую гомогенизацию при расселении из южных убежищ в северные регионы в Плейстоцене, сопровождавшуюся последующей утратой аллелей при формировании географических изолятов.
Ключевые слова: пресноводные рыбы, филогеография, цитохром b, видообразование

Abstract. Currently, 13 valid species are recognized in the genus *Sabanejewia*. Phylogenetic reconstruction confirmed the monophyly of seven major mtDNA evolutionary lineages: *S. caspia*, *S. larvata*, *S. romanica*, *S. vallachica*, *S. kubanica*, the "Danube-Balkan complex" and the *S. baltica* / *S. maeotica* / *S. aurata* / *S. caucasica* / *S. aralensis* group. The observed relatively low divergence of subclades within the latter phyletic lineage indicates a recent genetic homogenization during the Pleistocene dispersal from southern refuges to northern regions, followed by subsequent allele loss through the formation of geographic isolates.
Keywords: freshwater fishes, phylogeography, cytochrome *b*, speciation

Щиповки (сем. Cobitidae) – мелкие донные пресноводные рыбы, представленные в водах Европы и Центральной Азии видами двух родов: *Cobitis* и *Sabanejewia.* Исследования филогенетических связей родов Cobitidae с использованием митохондриального гена цитохрома *b* и ядерного гена RAG-1 показали, что *Sabanejewia*

представляет собой сильно дивергировавшую монофилетическую группу с высоким уровнем поддержки [1-3], ответвление которой от азиатских предковых видов могло начаться в раннем олигоцене (около 33.54 млн. лет назад), при датировании последующего ускоренного видообразования средним миоценом (около 13,94 млн. лет назад [2].

Среди описанных номинальных видов, относимых в литературе к роду *Sabanejewia,* в настоящее время признаются валидными только 13 (см. [4]). При этом не все из них подтверждены как самостоятельные филетические линии, а сведение в синонимию некоторых других номинальных таксонов представляется дискуссионным. Наша филогенетическая реконструкция подтвердила монофилию семи основных эволюционных линий мтДНК (Рисунок): *Sabanejewia caspia* (A), *S. larvata* (G), *S. romanica* (B), *S. vallachica* (F), *S. kubanica* (D), *S. baltica* / *S. maeotica* / *S.aurata* / *S. caucasica* / *S. aralensis* (C) и «дунайско-балканский комплекс» (E) [5].

Три независимо и последовательно ответвляющиеся наиболее дивергировавшие линии - *S. caspia*, *S. larvata* и *S. romanica* - не обнаруживают сестринских отношений между собой и с другими видами рода. Для *S. romanica* предполагается пре-плейстоценовое происхождение, тогда как расселение и дивергенция номинальных видов/подвидов дунайско-балканского комплекса связывается с циклическими плейстоценовыми оледенениями. Популяции этого комплекса интегрированы в одну филогенетическую группу с *S. balcanica*, гаплотипы которого, по-видимому, широко распространены среди гаплотипов других номинальных таксонов в Центральной и Южной Европе.

Среди щиповок, населяющих воды Восточной Европы и Центральной Азии, обособленные митохондриальные линии образуют эндемик бассейна Кубани *S. kubanica, S. caucasica,* обитающий в бассейне северо-западного Каспия (реки Кума, Терек, Сулак, Шура-озень) и аральская щиповка *S. aralensis* (Рисунок). В отличие от этих географически локализованных таксонов, современный ареал *S. baltica* включает бассейн Черного моря (реки Днестр и Днепр) и бассейн Балтийского моря (Висла и Одер). Однако, происхождение *S. baltica* определенно связано с бассейном Черного моря, а появление балтийских популяций - результат инвазии вида через систему Днепровско-Бугского канала, строительство которого было завершено примерно в 1846–1848 годах. Несомненный интерес представляет происхождение описанного из бассейна Дона *S. maeotica* [6], ранее считавшегося конспецифичным *S. baltica*. Возникновение этого вида, очевидно, связано с изоляцией в долговременном рефугиуме, существовавшем в реках Азовского моря с середины Плиоцена (1.85–5.73 млн. лет назад) [7]. Наблюдающаяся относительно низкая дивергенция последовательностей мтДНК в группе *S. baltica* / *S. maeotica* / *S. aurata* / *S. caucasica* / *S. aralensis* указывает на их недавнюю генетическую гомогенизацию во время расселения рыб из южных убежищ в северные регионы в Плейстоцене, сопровождавшуюся массовыми миграциями, приведшими к утрате аллелей.

Номинальный вид *S. aurata* идентифицирован как полифилетическая группа, локальные популяции которого, отмечаемые в бассейнах Каспийского и Черного морей (см. Рисунок), нуждаются в дальнейших исследованиях.

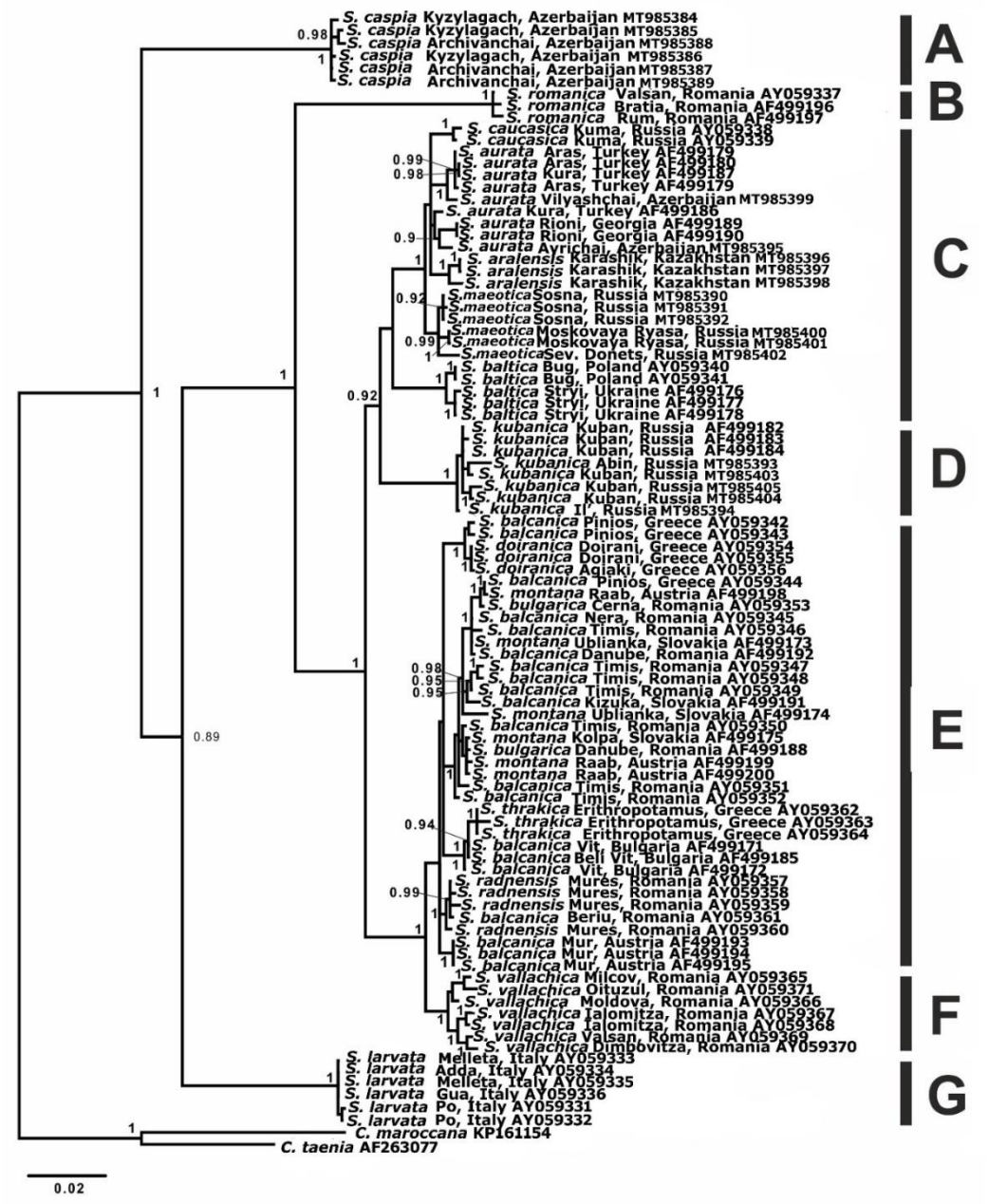


Рисунок – Филогенетические связи в роде *Sabanejewia* на основе анализа фрагмента митохондриальной ДНК гена цитохрома *b*: значения на ветвях соответствуют байесовским оценкам апостериорных вероятностей (из [5], с изменениями).

Исследование выполнено в рамках государственного задания МГУ.

Список литературы

1. Šlechtová V., Bohlen J., Perdices A. Molecular phylogeny of the freshwater fish family Cobitidae (Cypriniformes: Teleostei): Delimitation of genera, mitochondrial introgression and evolution of sexual dimorphism // Mol. Phylogen. Evol. 2008. Vol. 47. P. 812–831. DOI: 10.1016/j.ympev.2007.12.018
2. Tang Q., Freyhof J., Xiong B., Liu H. Multiple invasions of Europe by East Asian cobitid loaches (Teleostei: Cobitidae) // Hydrobiologia. 2008. Vol. 605. P. 17–28. DOI: 10.1007/s10750-008-9296-1
3. Perdices A., Bohlen J., Šlechtová V., Doadrio I. Molecular evidence for multiple origins of the European spined loaches (Teleostei, Cobitidae) // PLoS ONE. 2016. Vol. 11. e0144628. DOI: 10.1371/journal.pone.0144628
4. Fricke R., Eschmeyer W.N., Van der Laan R. (Eds.). Eschmeyer's catalog of fishes: genera, species, references. 2026. http://researcharchive.calacademy.org/research/ichthyology/catalog/fishcatmain.asp. Electronic version accessed 10 June 2026.

5. Vasil'eva E.D., Solovyeva E.N., Vasil'ev V.P. Molecular phylogeny of the spined loach genus *Sabanejewia* (Osteichthyes: Cobitidae) revised // Journal of Ichthyology. 2022. Vol. 62. № 5. P. 12-827. DOI: 10.1134/S0032945222050228
6. Vasil'eva E.D., Vasil'ev V.P. A new species of golden loach (genus *Sabanejewia*, Cobitidae) from the Sea of Azov basin // Journal of Ichthyology. 2023. Vol. 63. № 2. P. 167–178. DOI: 10.1134/S0032945223020224
7. Tomilova, A.A., Lyubas, A.A., Kondakov, A.V. et al. Evidence for Plio-Pleistocene Duck Mussel refugia in the Azov Sea river basins // Diversity. 2020. Vol. 12. № 3. P. 118. DOI: 10.3390/d12030118

Информация об авторах:
Васильева Екатерина Денисовна, ORCID ID 0000-0001-9014-2800
Соловьева Евгения Николаевна, ORCID ID 0000-0001-7564-9187
Васильев Виктор Павлович

DOI: 10.48612/altuhov/2026_04-06

Эволюционная динамика популяций рода *Lemmus* (Arvicolinae, Rodentia) с позднего плейстоцена до наших дней по данным полногеномного анализа современных и ископаемых образцов

Двояшов И.А.[1]*, Петрова Т.В.[2], Паницина В.А.[2], Бодров С.Ю.[2], Сердюк Н.В.[3], Протопопов А.В.[4], Климовский А.И.[4], Тиунов М.П.[5], Лопатин А.В.[3], Лавренченко Л.А.[1], Абрамсон Н.И.[2]

[1]Институт проблем экологии и эволюции им. А.Н. Северцова РАН, Москва, Россия
[2]Зоологический институт РАН, Санкт-Петербург, Россия
[3]Палеонтологический институт им. А.А. Борисяка РАН, Москва, Россия
[4]Академия наук Республики Саха (Якутия), Якутск, Россия
[5]Федеральный научный центр биоразнообразия наземной биоты Восточной Азии ДВО РАН, Владивосток, Россия
**e-mail: bano.biorobot@gmail.com*

Evolutionary dynamics of *Lemmus* (Arvicolinae, Rodentia) populations through Late Pleistocene to the Recent inferred from whole genome analysis of ancient and modern samples

Dvoyashov I.A.[1]*, Petrova T.V.[2], Panitsina V.A.[2], Bodrov S.Y.[2], Serdyuk N.V.[3], Protopopov A.V.[4], Klimovskiy A.I.[4], Tiunov M.P.[5], Lopatin A.V.[3], Lavrenchenko L.A.[1], Abramson N.I.[2]

[1]A.N. Severtsov Institute of Ecology and Evolution, Russian Academy of Sciences, Moscow, Russia
[2]Zoological Institute, Russian Academy of Sciences, Saint Petersburg, Russia
[3]Borissiak Paleontological Institute, Russian Academy of Sciences, Moscow, Russia
[4]Academy of Sciences of the Republic of Sakha (Yakutia), Yakutsk, Russia
[5]Federal Scientific Center of the East Asia Terrestrial Biodiversity, Far Eastern Branch of the Russian Academy of Sciences, Vladivostok, Russia
**e-mail: bano.biorobot@gmail.com*

Резюме. Настоящие лемминги (род *Lemmus*) пережили значительные изменения ареала в позднем плейстоцене и в период плейстоцен-голоценового перехода, однако влияние этих событий на современное генетическое разнообразие остается недостаточно изученным. На основе данных полногеномного секвенирования современных и ископаемых образцов из различных частей Палеарктики показано, что современная генетическая структура рода

определяется преимущественно изоляцией расстоянием и последствиями постледниковой фрагментации ареала. Полученные результаты не подтверждают выраженной ядерной дивергенции между основными митохондриальными линиями.
Ключевые слова: Lemmus, филогеномика, древняя ДНК, Арктика, изоляция расстоянием, постледниковая колонизация, поздний плейстоцен

Abstract. True lemmings (*Lemmus*) underwent substantial range shifts during the Late Pleistocene and the Pleistocene–Holocene transition; however, the impact of these events on present-day genetic diversity remains poorly understood. Using whole-genome sequencing data from modern and ancient specimens collected across the Palearctic, we demonstrate that the contemporary genetic structure of the genus is shaped primarily by isolation-by-distance pattern and the consequences of postglacial range fragmentation. Our results do not support pronounced nuclear divergence among the major mitochondrial lineages.
Keywords: Lemmus, isolation-by-distance, phylogenomics, Arctic biodiversity, postglacial colonisation, Last Glacial Maximum

Современный ареал рода настоящих леммингов (*Lemmus* Link, 1795) в Палеарктике охватывает огромную территорию, включающую тундры от Скандинавии до Чукотки вместе с прилежащими островами. На северо-востоке Сибири южная граница ареала заходит в лесотундры, захватывая частично Амурскую область, южную Якутию и изолированные местонахождения на п-ове Камчатка (кальдера вулкана Узон). В то же время многочисленные палеонтологические находки свидетельствуют об очень широком распространении настоящих леммингов в период максимума последнего оледенения (МПО) на территории Евразии, когда южная граница их распространения доходила до 48 градуса с. ш. Климатические изменения в ходе плейстоцен-голоценового перехода привели к существенному сокращению ареала, фрагментации и изоляции отдельных популяций, а также существенному сдвигу его южной границы на север. Влияние этих процессов на генетическую структуру настоящих леммингов, так же как и родственные отношения внутри рода, остаются слабо изученными. Работы проводились в основном с использованием фрагмента гена цитохром б или с нерепрезентативной для палеарктического ареала выборкой.

В задачи нашего исследования входила реконструкция эволюционной истории леммингов Палеарктики на основе данных полногеномного секвенирования, а также выявление ключевых факторов, определивших их генетическую структуру. Поскольку значительное сокращение и фрагментация ареала леммингов в постплейстоценовый период вероятнее всего привело к сокращению численности отдельных популяций, в наши задачи также входила оценка уровня генетического разнообразия в современных представителях этих популяций.

Анализируемая выборка составила 44 образца из 32 локалитетов. Среди них 4 позднеплейстоценовых образца: с реки Индигирка, Якутия (41 тыс. лет назад), из пещеры Перспективная, Приморский край (18 тыс. лет назад), из урочища Пым-Ва-Шор, Северный Урал (9 тыс. лет назад) и образец с юго-западной части острова Великобритания (12 тыс. лет назад). Последние два образца взяты из Генбанка, ДНК из первых двух выделена и проанализирована нами.

Филогенетический анализ проведен для выборки полных митохондриальных геномов и панели однонуклеотидных ядерных полиморфизмов. Кроме того, анализировалась расширенная выборка сиквенсов цитохрома b.

На основе митохондриальных данных нами ещё раз была показана глубокая дивергенция основных линий рода, а также гаплотипическая преемственность между

леммингами Европы с разных временных слоёв. Времена дивергенций периферических популяций совпадают с концом МПО и плейстоцен-голоценовым переходом.

В то же время филогенетическая реконструкция на основе ядерных данных показала слабую генетическую дивергенцию популяций палеарктических леммингов. В анализе главных компонент большая часть геномной изменчивости приходится на компоненты, разделяющие отдельные изолированные популяции, находящиеся на периферии ареала, от центральных популяций. К периферическим популяциям относятся и лемминги Скандинавии и Кольского п-ова, традиционно выделяемые в вид *Lemmus lemmu*s L., 1758, и лемминги с п-ва Камчатка. Пониженная гетерозиготность и наличие протяженных гомозиготных участков свидетельствуют о демографическом спаде, который эти популяции пережили в недавнем прошлом. В то же время большая часть геномного разнообразия рода объясняется изоляцией расстоянием, а упомянутые выше периферические популяции находятся внутри континуума геномной вариации остальных популяций палеарктических леммингов. Ископаемые образцы возрастом МПО и голоцена относятся к тем же генетическим линиям, что и современные. В то же время, мумия из бассейна реки Индигирка представляет собой отдельную генетическую линию по митохондриальным и ядерным данным.

Интеграция данных по палеогеографии с результатами анализа ядерного и митохондриального геномов свидетельствует о времени дивергенции современных популяций с 12-9 тыс. лет назад на границе плейстоцена и голоцена вследствие фрагментации ареала. При этом геномное разнообразие было утрачено только в периферических популяциях, тогда как большинство популяций леммингов с севера России несут набор аллелей, характерный для леммингов со времени МПО. Полученные результаты позволяют говорить о популяционном характере дивергенции внутри палеарктических леммингов. Центр генетического разнообразия леммингов находится в сибирской части России, тогда как норвежские лемминги представляют собой лишь один из изолятов. Это позволяет говорить о разнице в влиянии глобальных изменений климата на арктических животных в Европе и Сибири.

Информация об авторах:
Двояшов Иван Андреевич, ORCID ID 0009-0008-8002-5756
Петрова Татьяна Викторовна, ORCID ID 0000-0001-6856-920X
Паницына Валентина Александровна, ORCID ID 0009-0000-5749-4804
Бодров Семён Юрьевич, ORCID ID 0000-0002-3366-8029
Сердюк Наталия Викторовна, ORCID ID 0000-0001-6105-1360
Протопопов Альберт Васильевич, ORCID ID 0000-0001-6543-4596
Климовский Айсен, ORCID ID 0000-0002-2258-9173
Тиунов Михаил Петрович, ORCID ID 0000-0002-4276-4266
Лопатин Алексей Владимирович, ORCID ID 0000-0003-1913-0537
Лавренченко Леонид Александрович, ORCID ID 0000-0001-9961-8748
Абрамсон Наталия Иосифовна, ORCID ID 0000-0001-7387-5455

DOI: 10.48612/altuhov/2026_04-07

Молекулярная систематика: фундаментальные и прикладные аспекты

Картавцев Ю.Ф.*

Национальный научный центр морской биологии им. А.В. Жирмунского ДВО РАН, Владивосток, Россия

*e-mail: *yuri.kartavtsev48@hotmail.com*

Molecular Systematics: Fundamental and Applied Aspects

Kartavtsev Yu.Ph.*

A.V. Zhirmunsky National Scientific Center of Marine Biology, Far Eastern Branch of the Russian Academy of Sciences, Vladivostok, Russia

*e-mail: *yuri.kartavtsev48@hotmail.com*

Резюме. Представлены итоги многолетнего исследования в области эволюционной генетики, филогенетики, геномики и молекулярной систематики с обобщениями в концепции общей биологии.

Ключевые слова: эволюция, молекулярные маркеры генов, систематика, филогенетика, митогеномы

Abstract. The results of many years of research in the field of evolutionary genetics, phylogenetics, gonomics and molecular systematics are presented with generalizations in the concepts of general biology.

Keywords: evolution, molecular markers of genes, systematics, phylogenetics, mitogenomes

Основные результаты доклада представлены ниже в 5 пунктах:

1. Новые данные о молекулярной эволюции хорошо согласуются с Синтетической теорией эволюции и Биологической концепцией вида. По литературным и собственным данным оценена распространенность интрогрессии между генофондами видов в природе. Доказано, что генетическая интрогрессия, а также распространенность ретикуляции генных деревьев переоценены. Полученный результат поддерживается новыми данными по отдельным генам мтДНК, по полным митогеномам, а также по генам яДНК.

2. Молекулярно-филогенетические данные, полученные для нескольких таксонов рыб, включая важнейшие группы фауны рыб – карповых, камбаловых, имеют доказательства существования монофилии семейства настоящих камбал.

3. По объединенной матрице генов COI (*Co-1*) в рамках глобальной программы ДНК-штрихкодирования выполненное исследование даёт оригинальный взгляд на оценку биоразнообразия и таксономических отношений в нескольких таксонах рыб Северной Пацифики.

4. Для мидий проведено комплексное исследование в области геномики, молекулярной филогенетики и эволюционной генетики. Митогеном мидий, с подборкой из генного банка (GenBank) 20-68 последовательностей, гораздо более изменчив, чем у позвоночных, и включает изменения порядка генов, дупликации и делеции, наиболее частые для генов тРНК. Результаты обнаруживают очень важные свойства полипептидов, такие как гидрофобность, определяемую соотношением пуриновых и пиримидиновых нуклеотидов. Этот факт косвенно указывает на необходимость очищающего естественного отбора для поддержания функциональности полипептидов. Однако, в соответствии с общепринятой концепцией естественного отбора, объясняющей его действие против вредных нуклеотидных замен в несинонимичных кодонах и поддержание активных

макромолекул в популяциях, не удается получить однозначные доказательства в пользу этой концепции ввиду сложности феномена.

5. Обобщены итоги работы за несколько лет по молекулярной эволюции, молекулярной филогенетике и систематике гидробионтов, представленные в специальном томе IJMS.

Информация об авторе:
Картавцев Юрий Фёдорович, ORCID ID 0000-0002-0436-4763

DOI: 10.48612/altuhov/2026_04-08

О применимости теории *carcino-evo-devo* к растениям

Козлов А.П.[1]*, Крутовский К.В.[1,2,3,4], Кудрявцев А.М.[1]
[1]*Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова РАН, Москва, Россия*
[2]*Гёттингенский университет им. Георга-Августа, Гёттинген, Германия*
[3]*Сибирский федеральный университет, Красноярск, Россия*
[4]*Воронежский государственный лесотехнический университет им. Г.Ф. Морозова, Воронеж, Россия*
**e-mail: contact@biomed.spb.ru*

On the applicability of *carcino-evo-devo* theory to plants

Kozlov A.P.[1*], Krutovsky K.V.[1,2,3,4], Kudryavtsev A.M.[1]
[1]*Vavilov Institute of General Genetics, Russian Academy of Sciences, Moscow, Russia*
[2]*Georg-August-Universität Göttingen, Göttingen, Germany*
[3]*Siberian Federal University, Krasnoyarsk, Russia*
[4]*G.F. Morozov Voronezh State University of Forestry and Technologies, Voronezh, Russia*
**e-mail: contact@biomed.spb.ru*

Резюме. В процессе обсуждения теории возможной эволюционной роли опухолей (*carcino-evo-devo*), организованном редакцией журнала «Успехи современной биологии» в 2025 году, был поднят важный и фундаментальный вопрос о границах применимости этой теории. Было высказано предположение, что теория *carcino-evo-devo* неприменима к растениям. Авторы планируемого доклада приводят аргументы, что это не так и демонстрируют примеры неофункционализации опухолей и образование опухолеподобных структур с потенциалом неофункционализации у растений, такие как, клубеньки бобовых растений, капы, лигнотуберы, бурлы и ведьмины мётлы древесных растений.
Ключевые слова: carcino-evo-devo, ведьмины мётлы, клубеньки бобовых, опухоль, неофункционализация, эволюция

Abstract. During a discussion regarding the theory of the potential evolutionary role of tumors (*carcino-evo-devo*) - organized by the editorial board of the journal “Advances in Current Biology” in 2025 - an important and fundamental question was raised concerning the limits of this theory's applicability. It was hypothesized that the *carcino-evo-devo* theory does not apply to plants. The authors of a forthcoming presentation present arguments refuting this claim, demonstrating examples of tumor neofunctionalization - as well as the formation of tumor-like structures with neofunctionalization potential - in plants. These examples include legume root nodules, burls, lignotubers, burrs, and witches' brooms in woody plants.
Keywords: carcino-evo-devo, witches' brooms, legume nodules, tumor, neofunctionalization, evolution

Теория *carcino-evo-devo,* в основе которой лежит признание эволюционной роли опухолей получила большое документально подтверждение среди животных видов [1]. Однако, опухоли с потенциалом эволюционной неофункционализации распространены также и среди растений. В пользу участия опухолевых или опухолеподобных процессов в прогрессивной эволюции растений свидетельствуют некоторые факты неофункционализации опухолей (tumor neofunctionalization) растений. Важнейшим таким примером являются клубеньки бобовых растений, в которых в результате симбиоза с бактериями рода *Rhizobium* происходит фиксация атмосферного азота, выгодная для растения (Рисунок).

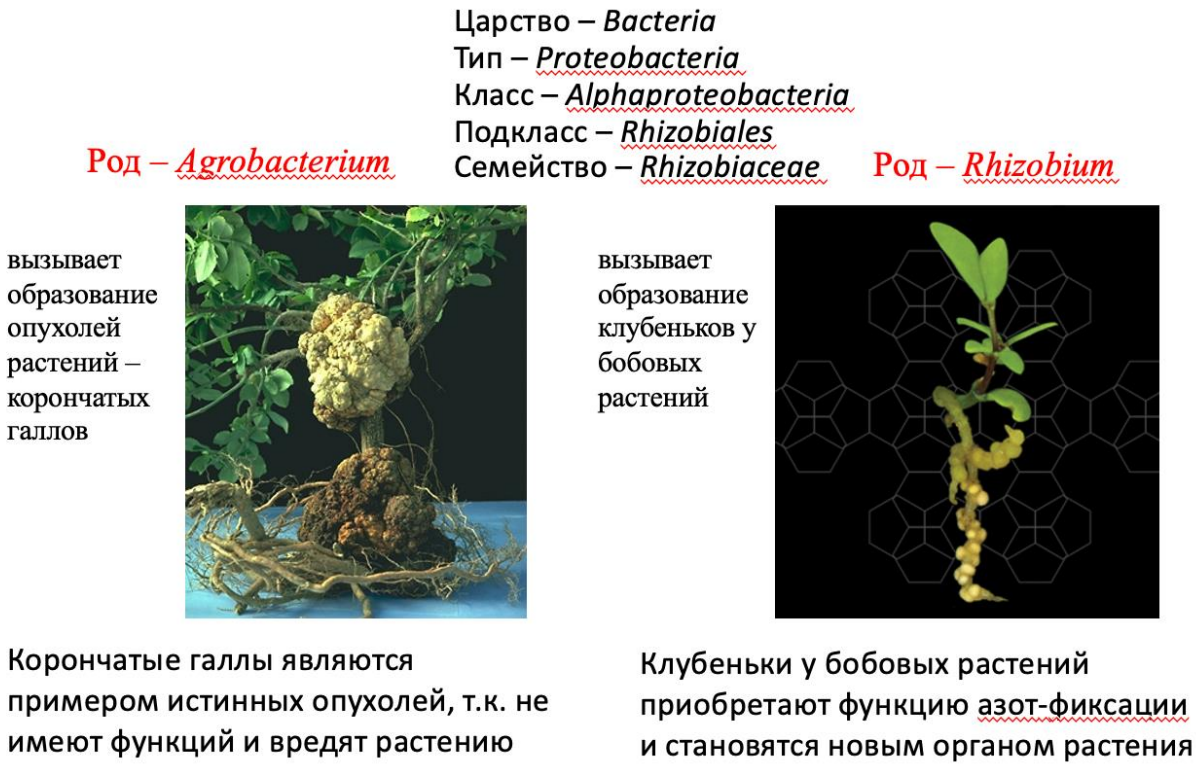


Рисунок – Разные результаты взаимодействия растений с *Agrobacterium* и *Rhizobium.*

В результате горизонтального переноса T-DNA от бактерий *Agrobacterium*, которые вызывают у растений опухоли (crown gall) и ризогенные опухолеподобные структуры (hairy root) возникают новые функции и органы растений. В ряде эволюционных линий (*Nicotiana, Linaria, Ipomoea*) эти гены встроились в геном и стали частью нормальной жизнедеятельности растений [2]. У природно трансформированных видов *Nicotiana* и *Linaria* обнаружены функциональные аналоги бактериальных *rolB*, *rolC*, *ORF13*, *ORF14* и других генов T-DNA. Эти гены первоначально участвовали в формировании опухолеподобных корней (hairy roots), но в природных «трансгенных» растениях они наследуются и экспрессируются в нормальных тканях, влияя на архитектуру корневой системы и регуляцию фитогормонов. Таким образом, они демонстрируют достаточно убедительный пример перехода от опухолеобразующего гена к адаптивному гену растения. Не исключено, что в эволюционном происхождении клубней и корнеплодов у других растений также принимали участие опухолевые или опухолеподобные процессы [3].

У древесных растений есть также несколько примеров опухолеподобных структур с потенциалом неофункционализации в новые ткани и органы. Например, «капы» (плотные наросты на стволе или ветках дерева) представляют собой опухолеподобные

меристематические структуры с огромным количеством спящих почек. Для некоторых видов показано, что капы обеспечивают восстановление после пожара, повышают устойчивость к повреждениям, и служат резервуаром меристемы. Особенно известны лигнотуберы (прикорневой кап) и бурлы (нарост на дереве) эвкалиптов и секвой. Некоторые авторы рассматривают их как эволюционную инновацию, возникшую из аномальной пролиферации меристематических тканей.

Другой интересный пример опухолеподобных структур у растений – это т.н. «ведьмины мётлы» (ВМ), наблюдаемые у многих видов древесных - гиперплазия и/или гипертрофия меристемы, вызывающая аномально-обильное латеральное ветвление при подавлении апикального роста ветви, которая ведёт себя как неоплазма, но создаёт при этом некоторую эволюционную перспективу [4]. В частности, для них характерно обильное плодоношение, а карликовый рост у потомства из семян сформировавшихся в ВМ защищает эти деревья от поломок ствола и гибели, вызванной ураганным ветром или тяжёлым снегопадом. Причины появления ВМ могут быть разные - фитоплазмы, ржавчинные грибы, вирусы и клещи. Но наибольший интерес имеют ВМ, вызванные генетическими мутациями, для которых показано их наследование [5].

В случае растений могут реализоваться также другие механизмы образования новых генов и обретения ими функций, важную роль в которых может играть полиплоидизация растительных геномов.

Эти и другие вопросы планируется обсудить в предлагаемом докладе.

Список литературы

1. Kozlov A.P. Mammalian tumor-like organs. 1. The role of tumor-like normal organs and atypical tumor organs in the evolution of development (*carcino-evo-devo*) // Infectious Agents and Cancer. 2022. V. 17. Article number 2. https://doi.org/10.1186/s13027-021-00412-0
2. Matveeva T.V., Lutova L.A. Horizontal gene transfer from *Agrobacterium* to plants // Frontiers in Plant Science. 2014. V. 5. Article number 326. https://doi.org/10.3389/fpls.2014.00326
3. Quispe-Huamanquispe D.G., Gheysen G., Kreuze J.F. Horizontal Gene Transfer Contributes to Plant Evolution: The Case of Agrobacterium T-DNAs // Frontiers in Plant Science. 2017. V. 8. Article number 2015. https://doi.org/10.3389/fpls.2017.02015
4. Zhuk E., Vasilyeva G., Goroshkevich S. Mutational witches' broom impact on the growth of the parent branch in several Pinaceae species // Dendrobiology. 2020. V. 83. P. 52-59. http://dx.doi.org/10.12657/denbio.083.005
5. Guner P., Shalizi M.N., Isik F., Walker T.D. Dwarfism in *Pinus taeda* originates from independent somatic mutations co-localized in a shared genomic region // 2026. Heredity. V. 135. P. 23-33. https://doi.org/10.1038/s41437-025-00814-5

Информация об авторах:
Козлов Андрей Петрович, ORCID ID 0000-0003-4611-1534
Крутовский Константин Валерьевич, ORCID ID 0000-0002-8819-7084
Кудрявцев Александр Михайлович ORCID ID 0009-0002-7783-2676

DOI: 10.48612/altuhov/2026_04-09

Геномный анализ разнообразия, филогении и роли гибридизации в эволюционной истории палеарктических плотв рода *Rutilus* (Leuciscidae)

Лёвин Б.А.[1]*, Болотовский А.А.[2], Лёвина М.А.[1], Мюге Н.С.[3], Мустафаев Н.Д.[4], Симонов Е.П.[1]

[1]*Институт экологии и эволюции им. А.Н. Северцова РАН, Москва, Россия*

[2]*Институт биологии внутренних вод им. И.Д. Папанина РАН, Борок, Россия*

[3]*Всероссийский научно-исследовательский институт рыбного хозяйства и океанографии, Москва, Россия*

[4]*Азербайджанский государственный аграрный университет, Гянджа, Азербайджан*

**e-mail: borislyovin@mail.ru*

Diversity, phylogeny, hybridization and evolutionary history of palearctic fish genus *Rutilus* (Leuciscidae) as inferred from genomic data

Levin B.A.[1]*, Bolotovskiy A.A.[2], Levina M.A.[1], Mugue N.S.[3], Mustafayev N.J.[4], Simonov E.P.[1]

[1]*A.N. Severtsov Institute of Ecology and Evolution RAS, Moscow, Russia*

[2]*Papanin Institute for Biology of Inland Waters RAS, Borok, Yaroslavl Province, Russia*

[3]*Laboratory of Molecular Genetics, Russian Federal Research Institute of Fisheries and Oceanography, Moscow, Russia*

[4]*Azerbaijan State Agricultural University, Ganja, Azerbaijan*

**e-mail: borislyovin@mail.ru*

Резюме. Впервые на основе геномного анализа ядерных SNP (ddRADseq) и мтДНК реконструирована филогения палеарктических плотв (*Rutilus* sensu lato) от Британских островов до Восточной Сибири и от Скандинавии до Южного Каспия. Обнаружено 22 линии, сгруппированные в три клады – *Rutilus* sensu stricto, *Leucos* и *Pararutilus*. Выявлено высокое скрытое разнообразие - валидирован статус ряда ранее синонимизированных видов и обнаружены новые криптические линии в Европе – кандидаты в новые виды. Установлены масштабный митоядерный диссонанс и многочисленные случаи древней и современной интрогрессивной гибридизации, в том числе между родами, что указывает на решающую роль гибридизации в эволюции и адаптивной пластичности рода. Кавказский эндемик «*Rutilus*» *atropatenus*, испытавший в прошлом интрогрессивную гибридизацию с *R. caspicus*, по ядерным маркерам выделен в самостоятельный род *Orthroleucos*. Узкоареальные эндемичные виды Кавказа и Балкан признаны наиболее уязвимыми к негативным последствиям интрогрессии.

Ключевые слова: филогеномика, ddRADseq, интрогрессия, митоядерный диссонанс, криптическое разнообразие, *Rutilus*, Евразия

Abstract. Using the first genome-wide (ddRAD-seq) and mitochondrial (cytb) dataset covering all nominal species of the Palearctic genus *Rutilus* s.l. from 60 localities, we identified 22 lineages within three major clades – *Rutilus* s. str., *Leucos* and *Pararutilus* – plus a divergent Caucasian lineage, *Orthroleucos atropatenus*. Three novel candidate species and the validity of three previously synonymized species were revealed. Extensive mito-nuclear discordance and numerous cases of ancient and ongoing inter- and intrageneric introgressive hybridization were detected, underscoring hybridization as a major driver of evolutionary plasticity in the genus. Narrow-range endemics of the Caucasus and Balkans appear most vulnerable to the negative effects of introgression.

Keywords: Rutilus, ddRAD-seq, phylogenomics, introgressive hybridization, mito-nuclear discordance, taxonomy, species diversity

Род *Rutilus* sensu lato (Leuciscidae) – широко распространённая в Палеарктике группа карповых рыб, включающая 16 валидных видов, многие из которых имеют промысловое значение (*Rutilus rutilus*, *R. frisii*, *R. kutum* и др.), тогда как узкоареальные эндемики (*Leucos albus*, *L. panosi*, *L. ylikiensis*, *R. meidingeri*, *R. atropatenus*) отнесены к уязвимым или находящимся под угрозой исчезновения таксонам (IUCN). Таксономия рода долгое время основывалась на морфологии и мтДНК, что приводило к противоречивым гипотезам о статусе родов *Sarmarutilus* и *Leucos*, а также о включении кавказского эндемика '*Pseudophoxinus*' *atropatenus* в состав *Rutilus*. Периодическая меж- и внутриродовая гибридизация *Rutilus* с представителями *Abramis*, *Alburnus*, *Blicca*, *Chondrostoma*, *Leuciscus*, *Scardinius* и *Squalius* осложняет филогенетические реконструкции, основанные на единичных локусах.

Материал (109 образцов, 22 номинальных вида и один потенциально новый вид) охватил весь ареал рода – от Британских островов до Восточной Сибири и от Скандинавии до юга Каспийского бассейна. Библиотеки ddRAD-seq подготовлены по протоколу quaddRAD (рестриктазы *Pst*I и *Msp*I), секвенированы на Illumina HiSeq2500/ X-Ten; обработка выполнена в STACKS2. Для филогеномных реконструкций использованы конкатенация SNP (IQ-TREE 2) и видовое дерево на основе многовидовой коалесцентной модели (SVDQuartets); популяционная структура и примесь оценены в PopCluster и методом главных компонент (ADEGENET); интрогрессия протестирована статистикой Паттерсона D, f4-ratio/f-branch (DSUITE), HyDe и TreeMix; отбор – методом BayeScan. Дополнительно реконструирована филогения по мтДНК (ген cytb) для оценки митоядерной конгруэнтности.

Ядерная филогения выявила четыре основные клады: базальную линию *Orthroleucos atropatenus* и три клады с 22 линиями – *Pararutilus* (5 линий крупных полупроходных и озёрных видов Понто-Каспия), *Leucos* (8 линий средиземноморских видов, включая *Sarmarutilus rubilio*) и *Rutilus* s. str. (9 линий, включая три новые линии и восстановленный вид *R. vegariticus*). Выделение родов *Sarmarutilus* и *Leucos*, а также включение *O. atropatenus* в состав *Rutilus*, поддержанные ранее данными мтДНК, не подтвердились ядерными данными: *O. atropatenus* оказался сестринским по отношению ко всему роду *Rutilus*, несмотря на присутствие у него митохондриальной ДНК от *R. caspicus*/*R. lacustris* – явный случай древнего захвата мтДНК. Аналогичная митоядерный диссонанс обнаружен для *R. virgo*, *R. pigus* и практически всей клады *Rutilus* s. str., где широко распространённая понто-каспийская линия мтДНК маскирует истинную ядерную структуру. Анализ DSUITE, HyDe и TreeMix подтвердил многочисленные случаи древней и современной интрогрессии как внутри, так и между кладами, включая интрогрессию между *R. kutum* и *R. caspicus*, *R. kutum* и *R. frisii*/*R. meidingeri*, а также между *O. atropatenus* и *R. schelkovnikovi*. Анадромный образ жизни, по-видимому, возникал независимо в разных кладах и мог быть облегчён гибридизацией.

Полученные результаты демонстрируют, что таксономия рода *Rutilus*, основанная только на мтДНК, во многих случаях не отражает истинных эволюционных отношений, и подтверждают более высокое видовое разнообразие рода, чем считалось ранее. Гибридизация, по-видимому, выступает важным фактором пластичности и адаптивности широко распространённых видов *Rutilus*, тогда как для узкоареальных эндемиков Кавказа и Балкан (в частности, *O. atropatenus*, *R. shelkovnikovi*, *R. ylikiensis*, *R. prespensis*) интрогрессия представляет угрозу сохранению уникального генетического своеобразия. Для таких видов рекомендуется ограничение интродукций и транслокаций видов рода

Rutilus и его частого партнёра по гибридизации – леща *Abramis brama* – в пределах ареалов охраняемых узкоареальных форм.

Информация об авторах:
Лёвин Борис Александрович, ORCID ID 0000-0002-4044-2036
Болотовский Алексей Александрович, ORCID ID 0000-0003-2262-6808
Лёвина Марина Александровна, ORCID ID 0000-0003-4786-8184
Мюге Николай Сергеевич, ORCID ID 0000-0001-8957-1931
Мустафаев Намиг Джанали оглы, ORCID ID 0000-0003-4384-5620
Симонов Евгений Петрович, ORCID ID 0000-0003-0194-4487

DOI: 10.48612/altuhov/2026_04-10

Сравнительная филогеография Палеарктических и Неарктических гольцов рода *Salvelinus*: модели межконтинентальных обменов

Олейник А.Г.*

Национальный научный центр морской биологии им. А.В. Жирмунского Дальневосточного отделения Российской академии наук, Владивосток, Россия
**e-mail: alla_oleinik@mail.ru*

Comparative phylogeography of Nearctic and Palearctic of charrs of the genus *Salvelinus*: models of intercontinental exchanges

Oleinik A.G. *

A.V. Zhirmunsky National Scientific Center of Marine Biology, Far Eastern Branch, Russian Academy of Sciences, Vladivostok, Russia
**e-mail: alla_oleinik@mail.ru*

Резюме. Исследовались исторические межконтинентальные обмены у гольцов рода *Salvelinus.* На основе анализа секвенированных последовательностей митохондриальных и ядерных маркеров тестировались альтернативные гипотезы о происхождении палеарктических и неарктических гольцов Арктической и Берингийской линий, ареал которых разобщен между двумя континентами. Показано, что ледниковые циклы в Берингии сыграли ключевую роль в диверсификации, дивергенции, и окончательном формировании филогенетических линий гольцов.
Ключевые слова: гольцы, *Salvelinus,* ледниковые линии, дивергенция, филогеография

Abstract. Historical intercontinental exchanges were investigated in charrs of the genus *Salvelinus*. Alternative hypotheses regarding the origins of Palearctic and Nearctic charrs of the Arctic and Beringian lineages, whose ranges are disjunct between the two continents, were tested based on sequenced mitochondrial and nuclear markers. This study showed that glacial cycles in Beringia played a key role in the diversification, divergence, and final formation of the charr phylogenetic lineages.
Keywords: charr, *Salvelinus,* glacial lineages, divergence, phylogeography

Голарктический регион представляет собой серьёзную проблему для изучения циркумполярных видов из-за неоднократных трансформаций между континентами. Многочисленные исследования различных групп организмов предложили различные сценарии эволюционной истории, включая отступление в рефугиумы в ледниковые периоды и последовательную экспансию в межледниковые периоды [1]. Сходными по сложности, но в более мелком географическом масштабе являются группы видов, имеющие общее происхождение из Берингии. История водной фауны Берингии

привлекает особое внимание исследователей в связи с многократными и длительными связями Палеарктики и Неарктики в районе современного Берингова моря [2]. Свидетельства повторяющихся периодов изоляции и дифференциации, за которыми следовали периоды объединения и расселения, обнаружены у многих пресноводных и морских рыб из Палеарктической и Неарктической областей [3]. В итоге, современные ареалы таких видов характеризуются сетью разорванных, часто перекрывающихся ледниковых линий. Ранее было показано, что популяции, предположительно, одной линии, в Палеарктической и Неарктической областях могут либо принадлежать к одному виду, либо разделяться на два или более видов.

Гольцы рода *Salvelinus* Richardson, 1836 (Salmoniformes, Salmonidae) имеют современное голарктическое распространение, охватывающее как Палеарктику, так и Неарктику. Более того, род *Salvelinus* является одним из самых богатых видами родов лососевых рыб. Компонентами разнообразия гольцов являются неопределенные видовые комплексы, виды, подвиды, формы (расы), биотипы или экоморфы, и ледниковые линии. Предположительно, такое разнообразие позволило гольцам расселяться и сохраняться во многих средах, и давать значительное преимущество при повторной колонизации территорий вслед за отступающими ледниками в Северном полушарии.

Исходя из вышесказанного, исследовались исторические межконтинентальные обмены у гольцов рода *Salvelinus.* Влияние четвертичных климатических циклов проявилось в наличии нескольких ледниковых линий гольцов, первоначально описанных на основе митохондриальной ДНК. Примечательно, что у гольцов имеются ледниковые линии распространение которых ограничено либо Палеарктической либо Неарктической областями. Однако распространение Арктической и Берингийской линий охватывает как Северо-Восточную Азию, так и Северо-Западную часть Северной Америки, включая древнюю Берингию [4]. Филогеография Арктической и Берингийской линий, имеющих сложную демографическую историю из-за ледниковой динамики, позволяет тестировать альтернативные гипотезы о происхождении палеарктических и неарктических гольцов.

Полагаем, что в результате наших многолетних исследований получены следующие обнадеживающие результаты.

(1) Ледниковые циклы в Берингии сыграли ключевую роль в дивергенции и окончательном формировании филогенетических линий гольцов.

(2) Современные популяции северной мальмы *Salvelinus malma malma* (Walbaum) Палеарктики и Неарктики объединены в самостоятельную Берингийскую линию, для которой обоснована филогеографическая модель с одним основным рефугиумом. Возможно, что в позднем плейстоцене существовали криптические рефугиумы в Палеарктике (бассейн реки Камчатка) и в Неарктике (небольшие участки на побережье залива Аляска). Быстрое расселение гольцов из Берингийского рефугиума без трансконтинентального перехода обусловило низкую генетическую дивергенцию популяций двух континентов. Вклад криптических рефугиумов в реколонизацию Палеарктики и Неарктики можно считать незначительными, вероятно, из-за небольшого объема изолированных в них предковых популяций.

(3) Генетические данные указывают на сходство и общее происхождение гольцов Арктической линии (*Salvelinus taranetzi* Kaganovsky из Палеарктики и *Salvelinus alpinus erythrinus* (Georgi) из Неарктики) [5]. На всех филогенетических деревьях *S. taranetzi* и *S. alpinus erythrinus* образуют общую монофилетическую кладу, демонстрируя низкую дивергенцию внутри линии. Поэтому фрагментация ареала общего предка, по-видимому, является основным фактором, определяющим дивергенцию географически

изолированных палеарктических и неарктических популяций. Можно утверждать, что гольцы Арктической линии по обе стороны Берингова пролива принадлежат к одному и тому же виду.

(4) Особенностью распространения Арктической линии является наличие обширного разрыва в её ареале на северо-востоке Берингии, то есть к западу от реки Маккензи. Однако палеарктические гольцы широко распространены в северо-западной Берингии, включая бассейн реки Колымы, и соседние районы (Камчатка, континентальное побережье Охотского моря). Эта филогеографическая модель не предполагает распространения по оси восток-запад, но больше соответствует концептуальной модели сохранения популяции по обе стороны Берингова пролива без расселения с востока на запад [2]. Мы выделили две субклады внутри Арктической линии, что предполагает колонизацию северо-восточных районов Палеарктики предками из разных рефугиумов или из одного, но разделенную во времени. Таким образом, гольцы Арктической линии совершили трансконтинентальную миграцию из Берингии в Неарктику во время самой первой волны колонизации. Для Неарктики более вероятной моделью является широкомасштабное постледниковое расселение из одного места, что не исключает существования небольших скрытых рефугиумов.

(5) Трансарктический путь расселения Атлантической линии Арктического гольца *S. alpinus* (L.) проходил не из Берингии, а из Европы, возможно, через Исландию в восточную Гренландию и арктические архипелаги. В Палеарктике выявили постледниковое расселение Атлантической линии по всем осям: восток-запад, запад-восток и север-юг [6].

Работа выполнена в рамках Государственного задания ННЦМБ ДВО РАН (тема № 124021900010-2).

Список литературы

1. Sanmartín I., Enghoff H., Ronquist F. Patterns of animal dispersal, vicariance and diversification in the Holarctic // *Biological Journal of the Linnean Society.* 2001. *V.* 73. P. 345-390. https://doi.org/10.1111/j.1095-8312.2001.tb01368.x
2. Campbell M.A., Brown R.J., Fraley K.M. et al. Biogeography of Beringian fishes after the molecular revolution and into the post-genomics era // *Reviews in Fish Biology and Fisheries.* 2024. V. 34. P. 161-199. https://doi.org/10.1007/s11160-023-09827-x
3. Bernatchez L., Wilson C.C. Comparative phylogeography of Nearctic and Palearctic fishes // Molecular Ecology. 1998. V. 7. P. 431-452. https://doi.org/10.1046/j.1365-294x.1998.00319.x
4. Weinstein S.Y., Gallagher C.P., Hale M.C. et al. An updated review of the post-glacial history, ecology, and diversity of Arctic char (*Salvelinus alpinus*) and Dolly Varden (*S. malma*) // Environ. Biol. Fish. 2024. V. 107. P. 121-154. https://doi.org/10.1007/s10641-023-01492-0
5. Oleinik A.G., Kukhlevsky A.D., Skurikhina L.A. Divergence of Palearctic and Nearctic Charrs (*Salvelinus*, Salmonidae) within the Arctic phylogenetic lineage: inferences based on mitochondrial and nuclear markers // Hydrobiologia. 2025. V. 852. P. 3757-3781. https://doi.org/10.1007/s10750-025-05842-0
6. Алексеев С.С., Гордеева Н.Б., Коростелев Н.Б. и др. Исследования арктического гольца *Salvelinus alpinus* (L.) в Забайкалье: итоги 25-летних работ. Сообщение 1. Распространение, симпатрические формы, морфология, генетика // Известия Иркутского государственного университета. Серия: Биология. Экология. 2021. Т. 38. С. 3–56.

Информация об авторе:
Олейник Алла Геннадьевна, ORCID ID 0000-0003-4790-0578

DOI: 10.48612/altuhov/2026_04-11

Моделирование эволюции митохондриальной и ядерной ДНК при интрогрессии и неполной сортировке линий

Порошина А.А.*, Щербаков Д.Ю.
Лимнологический институт Сибирского отделения Российской академии наук, Иркутск, Россия
**e-mail: a.poroshina@lin.irk.ru*

Modeling of the evolution of mitochondrial and nuclear DNA during introgression and incomplete sorting of lines

Poroshina A.A.*, Sherbakov D.Yu.
Limnological Institute, Siberian Branch of the Russian Academy of Sciences, Irkutsk, Russia
**e-mail: a.poroshina@lin.irk.ru*

Резюме. Представлена индивидуально-ориентированная модель, описывающая эволюцию двух сестринских видов в среде с переменной емкостью и переменными потоками генов при нарушении репродуктивного барьера. Программа позволяет диагностировать интрогрессию и неполную сортировку линий по филогенетическим деревьям, построенным по митохондриальным и ядерным маркерам.
Ключевые слова: популяционная генетика, моделирование, интрогрессия, неполная сортировка линий, митохондриальная ДНК, ядерные гены

Abstract. The presented individually-oriented model describes the evolution of two sister species in an environment with variable capacity and variable gene flows when the reproductive barrier is broken. The program allows you to diagnose introgression and incomplete sorting of lineages into phylogenetic trees based on mitochondrial and nuclear markers.
Keywords: population genetics, simulation, introgression, incomplete lineage sorting, mitochondrial DNA, nuclear genes

Часто выявляются несоответствия между филогенетическими деревьями, реконструированными по различным молекулярным маркерам– в частности, по митохондриальной и ядерной ДНК. Такие дискордансы представляют собой важный биологический феномен, отражающий сложные эволюционные процессы, происходящие в популяциях. Двумя основными механизмами, объясняющими подобные несоответствия, являются интрогрессия (межвидовая гибридизация) и неполная сортировка линий (incomplete lineage sorting, ILS). Эти процессы различаются тем, что интрогрессия возникает в следствие вторичного потока генов между видами, тогда как ILS – это следствие сохранения полиморфизма общего предка. Достоверно различить эти процессы стандартными эмпирическими методами сложно, что делает необходимым использование популяционно-генетического моделирования для тестирования альтернативных сценариев.

Для решения этой задачи нами разработана программа (реализована на Python 3), представляющая собой индивидуально-ориентированную модель (ИОМ) эволюции двух сестринских видов. В отличие от многих существующих симуляторов (таких как fastsimcoal2, SLiM, Aevol), ИОМ позволяет описывать изменения различных нуклеотидных последовательностей от времени при разных популяционных процессах, задавать сложную временную динамику численности и потока генов, что делает её пригодной для моделирования реальных популяционных процессов, и так же роль нарушений репродуктивного барьера. Программа отслеживает эволюцию двух классов

маркеров: нейтральной митохондриальной ДНК и ядерных генов, кодирующих аминокислотные последовательности. Такая архитектура моделирует ключевое различие в режимах наследования: мтДНК передаётся строго по материнской линии. Это различие критически важно, поскольку оно обусловливает разную эффективную численность и разную скорость фиксации мутаций, что в конечном счёте и порождает дискордансы между деревьями.

Каждая виртуальная особь в модели характеризуется набором внутренних параметров: возраст, пол, а также генетическими последовательностями, указанными выше. Жизненный цикл одного поколения включает пять последовательных этапов: (1) выживание и конкуренция за ресурсы – вероятность выжить определяется как функция от текущей численности популяции и поддерживающей ёмкости среды (K); (2) мутагенез – замены нуклеотидов и аминокислот происходят с заданными вероятностями; (3) миграция (поток генов) — осуществляется в соответствии с заданным временным графиком, который может быть как симметричным, так и асимметричным; (4) размножение происходит случайным образом, число потомков подчиняется распределению Пуассона со средним значением, задаваемым пользователем; (5) старение – все особи увеличивают свой возраст на единицу, и особи, превысившие лимит, погибают.

Критически важной особенностью программы является возможность задания различных сценариев изменения ёмкости среды и потока генов. Ёмкость среды (K) для каждого из двух видов задаётся отдельными управляющими файлами (*envi.ctl* и *envi1.ctl*), что позволяет имитировать периоды роста, спада или стабильности популяции, вызванные климатическими изменениями, антропогенным воздействием или сукцессионными процессами. Поток генов между видами конфигурируется через файл *swing.ctl*, который определяет вероятности межвидового скрещивания для каждого временно́го интервала. При этом программа допускает как двунаправленный поток (симметричная интрогрессия), так и однонаправленный, например, только от вида 1 к виду 2, что соответствует естественным ситуациям, когда один из видов является донором, а другой – реципиентом генетического материала. Кроме того, в модели предусмотрена возможность вымирания вида при падении его численности ниже критического порога (100 особей).

По завершении симуляции (которая может быть повторена несколько раз для оценки стохастической вариабельности) программа генерирует несколько выходных файлов. Во-первых, это демографическая история в формате таблицы (*demogr.dat*), содержащая динамику численности и ёмкости среды для обоих видов, а также вероятности миграции на каждом шаге модели. Во-вторых, это выборки последовательностей в формате FASTA: отдельно для митохондриального и ядерного маркеров (по 100 особей из каждого вида плюс аутгруппа, эволюционирующая независимо). В-третьих, вычисляется гистограмма попарных генетических расстояний, которая служит основой для дальнейшего статистического анализа. Вся выходная информация может быть использована в стандартных филогенетических пакетах (например, *MrBayes*, *IQ-TREE*) для реконструкции деревьев и последующего сравнения топологий.

На основе анализа полученных филогенетических деревьев и коэффициентов монофилетичности программа позволяет диагностировать тип наблюдаемого несоответствия. Ранее нами был предложен и валидирован количественный подход, позволяющий различать интрогрессию и неполную сортировку линий по трём основным критериям: расстоянию от общего предка группы до общего предка обоих видов, среднему расстоянию от всех представителей вида до их ближайшего общего предка и

коэффициенту полифилетичности (*P*). В соответствии с этой схемой, интрогрессия характеризуется полифилетической группой по мтДНК при сохранении монофилии по ядерным маркерам, тогда как ILS приводит к полифилетическим группам по обоим типам маркеров. Данная диагностическая процедура была подробно описана в нашей предыдущей работе [1], где мы показали её высокую чувствительность и специфичность на смоделированных и реальных данных.

Валидация программы проводилась на серии модельных экспериментов с различными сценариями потока генов и демографической динамики. Результаты показали, что ИОМ корректно воспроизводит ожидаемые филогенетические паттерны: при отсутствии потока генов оба маркера дают монофилетичные клады видов; при умеренной интрогрессии наблюдается полифилия по мтДНК при монофилии по яДНК; при высоком уровне ILS (например, при быстром последовательном видообразовании с короткими временами между дивергенциями) полифилия регистрируется по обоим маркерам. Эти результаты согласуются с теоретическими предсказаниями популяционной генетики и подтверждают пригодность программы для анализа реальных данных. Разработанная программа продолжает серию исследований по популяционной генетике, ведущихся в лаборатории геносистематики Лимнологического института СО РАН [2]. Исходный код программы и документация доступны в открытом репозитории по адресу: https://github.com/AnastasiyaPoroshina/Moria2.0.

Работа выполнена в рамках государственного задания Лимнологического института СО РАН. Проект FWSR-2026-0003 (1023032700327-0-1.6.8) "Эволюционная и функциональная геномика видов, популяций и сообществ гидробионтов пресноводных экосистем".

Список литературы

1. Poroshina A.A., Sherbakov D.Y., Peretolchina T.E. Diagnosis of the mechanisms of different types of discordances between phylogenies inferred from nuclear and mitochondrial markers // Vavilov Journal of Genetics and Breeding. 2020. V. 24. № 4. P. 420–426. DOI: 10.18699/VJ20.634
2. Semovski S. V., Verheyen E., Sherbakov D. Y. Simulating the evolution of neutrally evolving sequences in a population under environmental changes // Ecological modelling. 2004. Т. 176. №. 1-2. С. 99-107.

Информация об авторах:
Порошина Анастасия Андреевна, ORCID ID 0000-0002-3234-8955
Щербаков Дмитрий Юрьевич, ORCID ID 0000-0002-1410-392X

DOI: 10.48612/altuhov/2026_04-12

***Coregonus fluviatilis* Issatchenko, 1925 — эволюционная история, современное состояние, аквакультурный потенциал**

Суханова Л.В.[1]*, Политов Д.В.[2], Сапожникова Ю.П.[1], Королева А.Г.[1], Глызина О.Ю.[1], Яхненко В.М.[1], Бочкарев Н.А.[3]

[1]Лимнологический институт СО РАН, г. Иркутск, Россия
[2]Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова РАН, Москва, Россия
[3]Институт систематики и экологии животных СО РАН, Новосибирск, Россия
**e-mail: lsukhanova@yandex.ru*

Coregonus fluviatilis Issatchenko, 1925 - evolutionary history, current status, aquaculture potential

Sukhanova L.V.[1]*, Politov D.V.[2], Sapozhnikova Yu.P.[1] , Koroleva A.G.[1] , Glysina O.Yu.[1], Yakhnenko V.M.[1] , Bochkarev N.A. [3]

[1]*Limnological Institute Siberian Branch RAS, Irkutsk, Russia*

[2]*Vavilov Institute of General Genetics RAS, Moscow, Russia*

[3]*Institute of Systematics and Ecology of Animals Siberian Branch RAS, Novosibirsk, Russia*

**e-mail: lsukhanova@yandex.ru*

Резюме. Приводятся сведения об истории описания, распространении и филогенетических связях сига Исаченко, или енисейского горбоносого сига *Coregonus fluviatilis* (Issatchenko [Isaczenko], 1925) (Teleostei: Salmoniformes: Salmonidae: Coregoninae). Отмечается его видовая самостоятельность и конспецифичность байкальскому озёрно-речному сигу. Подчёркивается критическое состояние природных популяций вида и необходимость срочных мер по охране его генофонда, включая искусственное развдение. Отмечается аквакультурный потенциал этого ценного вида сиговых рыб.

Ключевые слова: Сиг Исаченко, енисейский горбоносый сиг, байкальский озёрно-речной сиг, ареал, филогенетические связи, охрана генофонда, аквакультурный потенциал

Abstract. Information is presented regarding the history of the description, distribution, and phylogenetic relationships of Issatchenko whitefish—also known as the Yenisei hump-nosed whitefish—*Coregonus fluviatilis* (Issatchenko [Isaczenko], 1925) (Teleostei: Salmoniformes: Salmonidae: Coregoninae). The species distinct status and its conspecificity with the Baikal lacustrine-riverine whitefish are noted. Emphasis is placed on the critical state of the species natural populations and the need for urgent measures to conserve its gene pool, including artificial propagation. The aquaculture potential of this valuable whitefish species is also highlighted.

Keywords: Issatchenko whitefish, Yenisei hump-nosed whitefish, Baikal lacustrine-riverine whitefish, species range, phylogenetic relationships, gene pool conservation, aquaculture potential

Сиг Исаченко, или енисейский речной горбоносый сиг, *Coregonus fluviatilis* (Issatchenko (Isaczenko), 1925) - однин из самых крупных и быстрорастущих настоящих сигов Евразии, эндемичен для Ангаро-Енисейского бассейна и Байкальского региона. Его можно назвать одним из наиболее сложных и дискуссионных таксонов сиговых рыб (Teleostei: Salmoniformes: Salmonidae: Coregoninae) Северной Азии. Впервые енисейский речной сиг упоминается Б. Дыбовским в 1876 г., но его научное описание принадлежит В.Г. Исаченко [1], работавшему в начале XX в. в Енисейской ихтиологической лаборатории и выделившему его в самостоятельный вид. Таксономическая история *C. fluviatilis* оказалась крайне запутанной: его рассматривали как самостоятельный вид, подвид или форму сига-пыжьяна *C. lavaretus pidschian*, а иногда и как синоним *C. pidschian*. Описание 1925 г. было сделано по восьми экземплярам из среднего течения Енисея: семь — у д. Березовка близ Красноярска, один — у Енисейска. Судьба типовых экземпляров оставалась неизвестной, что порождало множественные ошибки в указании типового местонахождения (вплоть до ошибочного указания на р. Мана). Генетические исследования [2, 3] указывали на его конспецифичность с байкальским озерно-речным сигом. Для номенклатурной стабилизации в 2024 г. был обоснован неотип *C. fluviatilis* [4] — ZMMU P-24531, самец длиной 382 мм по Смитту (далее LSm, отловленный в Ангаре у устья Белой (Братское водохранилище) в сентябре 2022 г. Неотип соответствует оригинальному описанию и закрепляет диагностические признаки вида: 19–21 жаберных

тычинок, 85–96 чешуй в боковой линии, нижний рот с сильно выступающей верхней челюстью, короткая и высокая голова (длина не более 20 % LSm, глубина на уровне середины глаза около 50 % длины головы), удлинённое горбоносое рыло (25,1–29,8 % HL), короткие грудные плавники (не более 14,5 % LSm) и длинный хвостовой стебель (12,3–15,6 % LSm).

Современные молекулярно-филогенетические данные однозначно свидетельствуют, что *C. fluviatilis* — валидный вид, а байкальский озёрно-речной сиг конспецифичен ему: гаплотипы мтДНК, выявленные на сегодняшний день у енисейского речного и байкальского озерно-речного сигов на всем ареале обитания, формируют монофилетичную ветвь, отделившуюся от других истинных сигов не менее 0,5 - 1,5 млн лет назад (зависит от используемой для расчетов шкалы скорости накопления нуклеотидных замен в мтДНК).

Ареал вида охватывает большую часть бассейна Енисея выше Туруханска и правые притоки выше Н. Тунгуски, но отсутствует в верховьях в пределах Монголии и Тывы. В Монголии *C. fluviatilis* встречается только в бассейне Селенги и ее левых притоках (рр. Эгийн-Гол с крупным притоком Уурэ-гол, Дэлгэр-Мурен) [5], но не в Дархатской котловине. Таким образом, гипотеза о дархатском рефугиуме для этого вида отвергнута. В Енисее сиг Исаченко встречается от плотины Красноярской ГЭС до Туруханска, наиболее многочислен до устья Ангары; населяет правобережные притоки, Нижнюю и Подкаменную Тунгуску, Ангару, Большой Пит, Кан, Ману, Абакан. В Байкале вид держится в литорали до 20 м, у южного и юго-восточного побережья, концентрируется в Северном Байкале, в приустьевых участках Селенги, Баргузина и Верхней Ангары, куда поднимается на нерест в августе–сентябре, с октября по декабрь скатывается в Байкал. Также нерестится в рр. Тые, Кичере, Фролихе, Томпуде. Речные жилые популяции обитают в Селенге и её притоках. Можно обозначить присутствие вида основной траекторией: Селенга → Байкал → Ангара → Енисей.

Отмечена гибридизация с байкальским омулем. Гибриды F1 жизнеспособны и перспективны для селекционно-племенной работы в товарном рыбоводстве, хотя их доля в естественных популяциях невелика.

Биология вида характеризуется поздним созреванием (самцы в 6–7 лет при 37–40 см и 0,85–0,92 кг, самки на год позже при 45–51 см и 1,75–2,2 кг), нерестом на галечных грунтах в ямах ниже перекатов при температуре 3 °C и ниже, плодовитостью от 23,7 до 64 тыс. икринок (у крупных самок свыше 100 тыс.), крупной икрой 1,8–2,2 мм и инкубацией 6–7 месяцев. Рост высокий: к 10 годам рыба достигает 64 см и 4,3 кг; официально максимальные размеры — 9 кг при 74 см, по достоверным данным — до 12 кг. В Подкаменной Тунгуске и Кане формируются тугорослые формы. Взрослые особи питаются придонными организмами — бокоплавами, личинками ручейников и хирономид, иногда рыбой. Лимитирующие факторы — большие скорости течения, низкий термический режим, каменисто-галечные грунты и отсутствие поймы.

Современное состояние вида вызывает серьёзную тревогу. В Байкале численность катастрофически низка: в 1998–2008 гг. на нерестилищах Баргузина отмечалось лишь 400–500 производителей, сейчас — единичные особи. Ранее вид был промысловым: вылов в Баргузинском районе колебался от 13,7 до 98,4 т, в среднем 45,3 т. В Енисее численность также сокращается из-за несанкционированного вылова, гидроэнергетики, фрагментации ареала, изменения условий нереста и потери нерестилищ. Из-за

малочисленности вид потерял свое промысловое значение и нуждается в искусственном разведении.

Аквакультурный потенциал вида определяется его крупными размерами (до 9 — 12 кг), высоким темпом роста, перспективностью селекционной работы в товарном рыбоводстве (в том числе, получением гибридных форм). Однако, реализация этого потенциала невозможна без параллельного сохранения природных популяций и их генофонда. Их сохранение требует охраны нерестилищ, борьбы с незаконным выловом, учёта воздействия ГЭС, генетического мониторинга, создания генетически паспортизированных ремонтно-маточных стад и криобанка половых продуктов, отработки техник искусственного воспроизводства и товарной аквакультуры.

Работа выполнена при поддержке гранта Российского научного фонда № 25-24-00634.

Список литературы

1. Исаченко В.И. Новый вид сига из бассейна реки Енисей (Eine neue Art der Gattung *Coregonus* aus dem Stromgebiete des Ienissei) // Труды Сибирской ихтиологической лаборатории. 2025. С. 3-18
2. Politov D.V., Borovikova E.A., Gordon N.Yu. Penzhina river cisco *Coregonus subautumnalis* Kaganovsky does not belong to the Arctic cisco species complex: first genetic evidence based on allozyme data // Advances in Limnology. 2007. V. 60. № P. 69-81
3. Sukhanova L.V., Smirnov V.V., Smirnova-Zalumi N.S., Belomestnykh T.V., Kirilchik S.V. Molecular Phylogeography of Lake Baikal Coregonid Fishes // Advances in Limnology. 2012. V.63 (Biology and Management of Coregonid Fishes – 2008). P.261–283
4. Vasil'eva E.D., Matveev A.N., Politov D.V. Neotype designation for *Coregonus fluviatilis* (Salmonidae: Coregoninae) from the only known museum specimen // Journal of Ichthyology. 2024. V.64. № 5. P.721-726
5. Tuvshinzhargal N., Bochkarev N.A., Politov D.V., Ayuushsuren Ch., Teterina V.I., Solovyov M.M., Matveev A.N., Smirnov V.V., Sukhanova L.V. Origin and relationships of humpback whitefishes of Mongolia (Corgoninae) // Geography and Natural Resources. 2023. V. 44. № S1. P. S114-S119

Информация об авторах:
Суханова Любовь Васильевна, ORCID ID 0000-0003-1550-1468
Политов Дмитрий Владиславович, ORCID ID 0000-0003-1569-5565
Сапожникова Юлия Павловна, ORCID ID 0000-0002-3584-0750
Королева Анастасия Геннадьевна, ORCID ID 0000-0002-5255-0448
Глызина Ольга Юрьевна, ORCID ID 0000-0002-6449-0497
Яхненко Вера Михайловна, ORCID ID 0000-0002-7643-7191
Бочкарев Николай Анатольевич, ORCID ID 0000-0003-0797-6447

DOI: 10.48612/altuhov/2026_04-13

Границы применимости теории *carcino-evo-devo*

Тиходеев О.Н.*
Санкт-Петербургский государственный университет, Санкт-Петербург, Россия
**e-mail: tikhodeyev@mail.ru*

Applicability bounds of the *carcino-evo-devo* theory

Tikhodeyev O.N.
Saint Petersburg State University, Saint Petersburg, Russia
**e-mail: tikhodeyev@mail.ru*

Резюме. Рассмотрены границы применимости теории *carcino-evo-devo*. Эта теория – крупный шаг к новому эволюционному синтезу, но только для многоклеточных организмов с ярко выраженной клеточной дифференцировкой. Она представляется весьма перспективной для животных, но вряд ли применима к растениям.
Ключевые слова: carcino-evo-devo, новый эволюционный синтез, меристемы, клеточная дифференцировка, тотипотентность

Abstract. Applicability of the *carcino-evo-devo* theory (the role of heritable tumors in progressive evolution) is considered. This theory is a major step towards a new evolutionary synthesis but only for multicellular organisms with pronounced cellular differentiation. It seems to be very promising for animals, but is hardly applicable to plants.
Keywords: carcino-evo-devo, new evolutionary synthesis, meristems, cell differentiation, totypotency

Вопрос о необходимости нового эволюционного синтеза широко обсуждается в биологии уже несколько десятилетий. Крупным успехом в этом направлении является теория *carcino-evo-devo*, разработанная Андреем Петровичем Козловым [1]. В соответствии с данной теорией, одним из важнейших механизмов прогрессивной эволюции служат нелетальные наследуемые опухоли, на основе которых могут быть сформированы новые типы клеток, а в дальнейшем — новые ткани и новые органы.

Многочисленные факты подтверждают эту теорию [2]. Вместе с тем, она имеет ряд ограничений. В частности, нужно учитывать, что понятие «опухоль» применимо лишь к тем биологическим объектам, для которых характерно многоклеточное строение с четко выраженной клеточной дифференцировкой. Это животные и высшие растения (Embryophyta). В случае животных теория *carcino-evo-devo* представляется хорошо обоснованной и перспективной. Но к растениям она, по-видимому, отношения не имеет.

Растениям для формирования новых структур не нужно задействовать опухолевый путь. Для них характерны разнообразные меристемы (апикальные, камбиальные, вставочные и т.п.), за счет которых возникают «свободные клеточные массы», способные в дальнейшем дифференцироваться в любом направлении. Поэтому для возникновения новых структур достаточно изменить специфику дифференцировки каких-либо потомков меристематических клеток. Кроме того, дифференцированные растительные клетки, как правило, сохраняют исходную тотипотентность и могут дедифференцироваться в каллусную массу с очень широким морфогенетическим потенциалом. Здесь тоже возникают «свободные клеточные массы», способные стать основой для новообразований.

У растений, как и у животных, известны опухоли. Большинство из них индуцируется различными паразитами (вирусами, бактериями, нематодами, насекомыми) и не передается следующим поколениям, а значит, не играет заметной роли в эволюции. Примеры наследуемых опухолей немногочисленны и в основном обусловлены переносом генов из бактерий [3]. При этом пока нет ни одного примера, где новые растительные ткани или органы формировались бы на основе наследуемых опухолей. Таким образом, эволюционная роль карциногенеза в случае растений, по-видимому, невелика.

Список литературы

1. Козлов А.П. Опухоли и эволюция // Вопросы онкол. 2008. Т. 54. № 6. С. 695–705.
2. Козлов А.П. Эволюция путем неофункционализации опухолей. Новообразования как фактор прогрессивной эволюции // СПб.: Издательство Политехнического ун-та, 2016. 262 с.
3. Dodueva I.E., Lebedeva M.A., Kuznetsova K.A. Gancheva M.S., Paponova S.S., Lutova L.L. Plant tumors: a hundred years of study // Planta. 2020. V. 251 № 4. 82.

Информация об авторе:
Тиходеев Олег Николаевич, ORCID ID 0000-0001-9923-8614

DOI: 10.48612/altuhov/2026_04-14

Роль спаривания хромосом и определения пола в происхождении видов комаров

Шарахов И.В.[1,2]*

Кафедра энтомологии, Политехнический институт и университет штата Вирджиния, Блэксбург, Вирджиния, США

Кафедра генетики и клеточной биологии, Томский государственный университет, Томск, Россия

**e-mail: igor@vt.edu*

The roles of chromosome pairing and sex determination in the origin of mosquito species

Sharakhov I.V. [1,2]*

Department of Entomology, Virginia Polytechnic Institute and State University, Blacksburg, VA, USA

Department of Genetics and Cell Biology, Tomsk State University, Tomsk 634050, Russia

**e-mail: igor@vt.edu*

Резюме. Многочисленные примеры конвергентной эволюции показывают, что эволюционный процесс может быть ограниченным и направленным не только на уровне признаков, но и на уровне механизмов изоляции между видами. Исследования гибридов комаров родов *Anopheles* и *Aedes* выявили разные генетические причины репродуктивной изоляции: у *Anopheles* бесплодие связано с нарушениями мейоза и поведения половых хромосом, а у *Aedes* — с дефектами системы определения пола и половой дифференциации. Несмотря на различие генетических механизмов, оба они приводят к гибридной несовместимости и препятствуют скрещиванию между видами. Таким образом, репродуктивная изоляция может возникать разными путями, обеспечивая надежное формирование новых видов и поддерживая биологическое разнообразие.
Ключевые слова: Aedes, *Anopheles*, гибриды, изоляция, мейоз, пол, хромосомы

Abstract. Numerous examples of convergent evolution demonstrate that the evolutionary process can be constrained and directed not only at the level of traits but also at the level of mechanisms of isolation between species. Studies of hybrids between mosquito species of the genera *Anopheles* and *Aedes* have revealed distinct genetic causes of reproductive isolation: in *Anopheles*, infertility is associated with disruptions in meiosis and sex chromosome behavior, whereas in *Aedes,* it stems from defects in sex determination and sexual differentiation systems. Despite these differing genetic mechanisms, both result in hybrid incompatibility and prevent interspecies mating. Thus, reproductive isolation can arise through various pathways, ensuring the reliable formation of new species and maintaining biological diversity.
Keywords: Aedes, *Anopheles*, hybrids, isolation, meiosis, sex, chromosomes

Многочисленные примеры конвергентной эволюции признаков и адаптаций свидетельствуют о том, что эволюция — это не непредсказуемый процесс, а скорее крайне ограниченный и направленный процесс, характеризующийся как «неизбежный марш к когнитивно сложному животному» [1]. А как насчет самих эволюционных механизмов? Подвержены ли они также конвергентной эволюции? Гибридная стерильность самцов была определена как один из основных механизмов репродуктивной изоляции между видами животных и растений. Чарльз Дарвин в главе «Гибридизм» в «Происхождении видов» отметил, что стерильность гибридов «не является особым наделенным качеством,

а является случайной по отношению к другим приобретенным различиям». В ходе своего фундаментального исследования непарного шелкопряда *Lymantria dispar* Ричард Гольдшмидт обнаружил, что скрещивание различных рас часто приводит к появлению потомства с аномальным половым развитием, что указывает на существование альтернативного механизма возникновения репродуктивных барьеров между видами [2]. Наши исследования гибридов в двух родах комаров, *Anopheles* и *Aedes*, выявили радикально разные причины межвидовых репродуктивных барьеров. Аномалии в развитии сперматозоидов, сопровождающиеся неправильным поведением половых хромосом, являются основными причинами бесплодия у гибридов *Anopheles*. Мы показали, что нарушения мейоза у самцов-гибридов между *Anopheles merus* и *An. coluzzii* обусловлены дефектным спариванием X- и Y-хромосом в сочетании с недостаточной конденсацией хроматина. Эти аномалии приводят к преждевременному эквационному делению и образованию диплоидных неподвижных спермиев [3]. Напротив, нарушение определения пола приводит к интерсексуальным характеристикам репродуктивной системы самцов, вызывая бесплодие у гибридов *Aedes.* Мы исследовали гибридную несовместимость между *Aedes aegypti* и *Ae. mascarensis*. Путем возвратного скрещивания гибридных самцов с самками *Ae. aegypti* мы получили потомство с аномальной половой дифференциацией. Все интерсексуальные особи были генетическими самцами, несущими фактор определения пола *Nix*. Анализ специфических для пола паттернов сплайсинга генов *doublesex* и *fruitless* выявил одновременное присутствие мужских и женских вариантов сплайсинга, демонстрируя нарушение пути определения пола. Эти результаты указывают на то, что развивающаяся гибридная несовместимость между этими видами включает дефекты в определении пола и измененную экспрессию генов, контролирующих половую дифференциацию [4]. Таким образом, репродуктивная изоляция быть вызвана совершенно разными генетическими механизмами, которые приводят к возникновению новых видов. Конвергентная эволюция гибридной несовместимости обеспечивает надежный механизм изоляции между видами, что приводит к колоссальному разнообразию жизни.

Список литературы

1. Morris S.C. From Extraterrestrials to Animal Minds: Six Myths of Evolution. West Conshohocken PA: Templeton Press. 2022. 272 p.
2. Goldschmidt R. B. The Material Basis of Evolution. New Haven CT: Yale University Press. 1940. 436 p.
3. Liang J., Sharakhov I.V. Premeiotic and meiotic failures lead to hybrid male sterility in the *Anopheles gambiae* complex // Proc Biol Sci. 2019. Т. 286. № 20191080. DOI: 10.1098/rspb.2019.1080
4. Liang J., Kang L., Michalak P., Sharakhov I.V. Hybridization between *Aedes aegypti* and *Aedes mascarensis* mosquitoes leads to disruption of male sex determination // Commun Biology. 2024. V. 7. № 886. P. 1-7. DOI: 10.1038/s42003-024-06560-4

Информация об авторе:
Шарахов Игорь Валентинович, ORCID ID 0000-0003-0752-3747

DOI: 10.48612/altuhov/2026_04-15

Увеличение геномов байкальских эндемичных беспозвоночных по сравнению с представителями небайкальских сестринских таксонов

Щербаков Д.Ю.[1,2]*, Перетолчина Т.Е.[1], Пудовкина Т.А.[1], Трибой Т.И.[1]

[1]Лимнологический институт Сибирского отделения Российской академии наук, Иркутск, Россия

[2]Новосибирский государственный университет: Факультет Естественных Наук, Новосибирск, Россия

**e-mail: sherb@lin.irk.ru*

Genomes of Baikalian Endemic Inertebrates are Consistently larger in Size Relative to the ones of non-Baikalian Sister Species

Sherbakov D.Yu.[1,2]*, Peretolchina T.E[1], Pudovkina T.A.[1], Triboy T.I.[1]

[1]Limnological Institute, Siberian Branch of the Russian Academy of Sciences, Irkutsk, Russia

[2]Novosibirsk State University, Faculty of Natural Sciences, Novosibirsk, Russia

**e-mail: sherb@lin.irk.ru*

Резюме. Приводятся первые результаты анализа количества и разнообразия повторов ДНК у представителей нескольких букетов байкальских эндемичных беспозвоночных по сравнению с не байкальскими сестринскими видами. Показано, что во всех исследованных случаях вселение в Байкал и последующая адаптивная видовая радиация сопровождалась перестройкой репитома в сторону увеличения его разнообразия и доли в геноме. Обсуждаются возможные причины этого явления.

Ключевые слова: Байкал, букеты видов, секвенирование следующего поколения, репитом

Abstract. The first results of an analysis of the abundance and diversity of DNA repeats in representatives of several bouquets (species flocks) of Baikal endemic invertebrates, compared with non-Baikal sister species, are presented. It is shown that in all cases studied, colonization of Lake Baikal and the subsequent adaptive species radiation were accompanied by a restructuring of the repeatome towards an increase in its diversity and its proportion of the genome. Possible causes of this phenomenon are discussed**.**

Keywords: Lake Baikal, species flocks, next generation sequencing, repeatome

Начиная примерно со второго десятилетия нашего века, полногеномная информация все шире используется в эволюционных и популяционно-генетических исследованиях. При этом очевидно, что описание микроэволюционных явлений, оперирующее в основном с частотами маркерных локусов, до сих пор трудно совместимо с полногеномной информацией в силу ее дороговизны и трудоемкости. Теоретический аппарат популяционной и эволюционной генетики в подавляющем большинстве основан на предположении о нейтральности используемых маркеров. Нарушения нейтральности в ту или иную сторону требуется отдельно доказывать. Несмотря на то, что такие исследования принесли много интересных результатов, они не стали основным направлением популяционно-генетических и эволюционных исследований. В последнее время активно развиваются подходы, использующие полногеномное секвенирование, однако не требующие сборки всех полученных чтений. Как правило, эти исследования направлены на прослеживание судьбы отдельных генов, либо — на прослеживание каких-либо интегральных характеристик генома. Настоящая работа относится к последней категории и посвящена сравнительному изучению судьбы ядерных повторов при приспособлении представителей различных групп беспозвоночных к обитанию в Байкале.

Исследованы геномные библиотеки байкальских эндемиков и сестринских видов

Bryozoa, Trichoptera, Mollusca. Библиотеки парноконцевых коротких чтений (150 нп) получали либо по стандартным методикам для секвенирования в НПО «СЕСАНА» на приборе SURFSeq5000, либо использовали находящиеся в свободном доступе SRA архивы (https://ncbi.nih.nlm.gov). Поиск повторенных элементов генома проводили с помощью программы repeatexplorer2 на платформе galaxy, где производили все подготовительные операции (https://repeatexplorer-elixir.cerit-sc.cz/). Для целей настоящего этапа пользовались только результатами анализа индивидуальных библиотек (видов), нормируя доли отдельных кластеров к единице. Для дальнейшего анализа и для иллюстрации применяли оригинальные скрипты на языках python3, R и julia.

Поиск и количественный анализ состава повторенных элементов ДНК показал, что, в зависимости от группы организмов, их доля составляла от 40% до 55%. Была также проведена предварительная аннотация, которая позволила оценить представленность различных классов транспозонов, в частности, ретротранспозонов, на которые во всех случаях приходилась существенная доля повторов. Следует, заметить, что полной аннотацию назвать нельзя. Обилие не идентифицированных последовательностей связано с тем, что это — не модельные виды.

Важный результат, на наш взгляд, состоит в следующем. Оказалось, что у всех исследованных групп организмов содержание средних повторов (примерно 100 — 500 на гаплоидный геном) у байкальских эндемиков повышено. Это повышение достигается не за счет амплификации отдельных повторов, а в основном за счет увеличения их разнообразия. Различные виды — эндемики Байкала, принадлежащие к одной группе, также могут различаться по содержанию повторов.

Эволюционные механизмы, удерживающие повторы в составе геномов, во многом еще не известны, однако установлено, что от состава повторов в значительной степени может зависеть устойчивость организма ко многим инфекциям. Известны по меньшей мере два пути активации врожденного иммунитета с помощью мобильных элементов. Накапливаются свидетельства участия, например, LTR-ретротранспозонов в системном противовирусном иммунитете у *D. melanogaster.* Это позволяет предположить, что повышенное разнообразие повторов у различных эволюционных линий байкальских эндемиков стало ответом на их обитание в условиях значительно более разнообразных инфекционных угроз в сверх-разнообразной экосистеме Байкала.

С другой стороны, доля мобильных элементов в геноме ограничивается отрицательными эффектами их обилия, в первую очередь повышенной нестабильностью генома за счет повышения вероятности перестроек: делеций и инсерций.

Систематическое обогащение повторами байкальских эндемиков позволяет предположить, что это один из молекулярных механизмов, поддерживающих изоляцию байкальских организмов от населения соседних водоемов и, следовательно, от обще-сибирской фауны. Байкальские экспаты, согласно этому предположению, должны иметь пониженную по сравнению с аборигенами жизнеспособность. Наоборот, миграция в Байкал и конкуренция с эндемиками затруднены отсутствием преадаптации к инфекциям, предположительно присутствующим в озере.

Предложена математическая модель, помогающая проиллюстрировать это предположение.

Информация об авторах:
Щербаков Дмитрий Юрьевич, ORCID ID 0000-0002-1410-392X
Перетолчина Татьяна Евгеньевна, ORCID ID 0000-0002-2950-9762
Пудовкина Татьяна Анатольевна
Трибой Татьяна Ионовна, ORCID ID 0000-0002-4830-0155

DOI: 10.48612/altuhov/2026_05-01

Генетическая токсикология как раздел экологической генетики

Абилев С.К.*
Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова Российской академии наук, Москва, Россия
**e-mail: abilev@vigg.ru*

Genetic toxicology as a branch of environmental genetics

Abilev S.K.*
Vavilov Institute of General Genetics, Russian Academy of Sciences, Moskow, Russia
**e-mail: abilev@vigg.ru*

Резюме. Рассматриваются причины и история возникновения генетической токсикология, которая стала часть экологической генетики. Особое внимание уделено развитию генотоксикологических исследований в XXI веке, новым методам и подходам к оценке потенциальной генетической и канцерогенной опасности химических загрязнений окружающей среды, основным достижениям и проблемам современной генетической токсикологии.
Ключевые слова: экологическая генетика, генотоксикология

Abstract. The causes and history of genetic toxicology, which has become part of environmental genetics, are considered. Special attention is paid to the development of genotoxicological research in the 21st century, new methods and approaches to assessing the potential genetic and carcinogenic hazards of chemical pollution, the main achievements and problems of modern genetic toxicology.
Keywords: environmental genetics, genotoxicology

Генетическая токсикология как научное направление сформировалась в конце 60-х – в начале 70-х годов XX века. Она стала междисциплинарной наукой на стыке генетики, токсикологии и биохимии ксенобиотиков – чужеродных соединений. В настоящее время генетическая токсикология является составной частью экологической генетики, которая изучает генетические аспекты взаимодействия организмов, а также изменения организмов под действием экологических факторов среды обитания.

Организационные основы генетической токсикологии были заложены в 1969 г., когда группа ученых во главе с А. Холландером, руководителем биологического отдела Оак-Риджской Национальной лаборатории США, организовала Общество по изучению мутагенов окружающей среды. Этому событию предшествовали многочисленные исследования, показавшие, что ряд лекарственных и косметических средств, пищевые добавки и компоненты бытовой химии, а также другие химические соединения, распространенные в окружающей среде, обладают мутагенной активностью. Например, японские ученые в начале 60-х годов XX века обнаружили, что нитрофурановые соединения, широко используемые в производстве мясных и рыбных сосисок в качестве консервантов, являются мутагенами и индуцируют мутации в клетках кишечной палочки.

В 1977 г. была создана Международная комиссия по защите от мутагенов и канцерогенов окружающей среды (ICPEMC- International Commission for the Protection

against Environmental Mutagens and Carcinogens). При поддержке ICPEMC в 80-х годах были опубликованы результаты углубленных исследований генотоксичности, включая эпидемиологические исследования, пестицида дихлофоса, промышленных соединений эпихлоргидрина, винилхлорида, лекарственного средства для лечения туберкулеза изониазида и других широко распространенных химических соединений.

В 70-х XX века были организованы национальные общества по изучению мутагенов. Общества Европейских стран объединены Европейским обществом по мутагенам окружающей среды. В СССР исследования по генетической токсикологии, начиная с 1974 г., развивались в рамках секции генетических аспектов проблемы "Человек и биосфера" Государственного Комитета по Науке и Технике, руководимой академиком Н.П. Дубининым, директором Института общей генетики АН СССР. Были организованы специализированные по изучению мутагенной активности химических компонентов окружающей среды в ряде научно-исследовательских институтах и высших учебных заведениях. На основе опыта тестирования химических соединений на мутагенность с помощью различных тест-систем разрабатывали соответствующие методические указания по изучению мутагенной активности. В ряде случаев принимались решения, обязательные для исполнения различными государственными органами, хотя в основной массе решения Секции носили рекомендательный характер.

Основные достижения генетической токсикологии в XXI веке:

1. Пересмотр перечня тест-систем, одобренных OECD в 1983–1997 годы, и включение в перечень новых тест-систем на потенциальную канцерогенную/мутагенную активность в 2011-2015 годы.

2. Общая для всех стран стратегия тестирования на потенциальную канцерогенную/мутагенную активность, предложенная в 2006 г. экспертами Международной программы по химической безопасности ВОЗ.

3. Расширение исследований популяций работников предприятий, производящих химические вещества для промышленности, медицины и сельского хозяйства.

4. Обязательное включение изучения генотоксичности в программы предклинических исследований потенциальных фармакологических средств и сертификационных исследований веществ, применяемых в сельском хозяйстве.

5. Включение в программы мониторинга загрязнения окружающей среды методов генетической токсикологии.

6. Поиск новых антимутагенов/антигенотоксикантов из природных источников и среди синтетических соединений.

В России в Руководство по проведению доклинических исследований лекарственных средств включены «Методические указания по изучению мутагенной активности лекарственных средств» и «Методические указания по оценке канцерогенности лекарственных средств и вспомогательных веществ в краткосрочных тестах», одобренных МЗ РФ. Роспотребнадзор в 2016 г. утвердил Методические указания «Оценка мутагенной активности пестицидов», которые были разработаны Федеральным научным центром гигиены им. Ф.Ф. Эрисмана совместно с другими институтами, в том числе ИОГен РАН.

В Институте гигиены, токсикологии пестицидов и химической безопасности ФНЦ гигиены им Ф.Ф. Эрисмана на хорошем уровне проводятся такие исследования как:

1. Оценка генетической опасности факторов окружающей среды и анализ суммарной мутагенной активности смесей химических загрязнителей.

2. Оценка мутагенности в краткосрочных тестах для прогнозирования

канцерогенности изучаемых веществ.

3. Контроль за мутационными событиями в соматических клетках людей, работающих во вредных условиях производства, необходимый для совершенствования профилактики, диагностики и лечения профзаболеваний.

В НИИ фармакологии им. В. В. Закусова под руководством А.Д. Дурнева в течение более 20 лет изучали антимутагенность лекарственных веществ и биологически активных соединений из природных источников *in vivo* на мышах, и это положила основу такому направлению исследований, как фармакологическая защита генома.

В лаборатории цитогенетики ФИЦ угля и углехимии СО РАН (г. Кемерово) изучают влияние формирования геномной нестабильности у рабочих угольных ТЭЦ с помощью цитогенетических, генетических и эпигенетических методов.

В НИИ экологии человека и гигиены окружающей среды им. А.Н. Сысина ФМБА основное внимание уделено совершенствованию методологии оценки влияния факторов окружающей среды на здоровье человека с помощью генетических методов исследований, их апробация, аттестация, гармонизация с зарубежными подходами.

В Институте общей генетики им. Н.И. Вавилова РАН для изучения генотоксичности и антигенотоксичности используют бактериальные биосенсоры на основе штаммов *Escherichia coli,* Эти биосенсоры содержат рекомбинантную плазмиду с lux-опероном люминесцирующей бактерии, который слит с промотором таких индуцибельных генов, как *recA, colD, soxS, katG* и другие. Биосенсоры позволяют тестировать химические соединения на способность повреждать ДНК или вызывать в окислительный стресс в бактериальной клетке. Результаты учитывают по амплитуде интенсивности люминесценции биосенсора в опытных вариантах эксперимента по отношению к контролю. Лаборатория экологической генетики ИОГен РАН принимал активное участие в предклинических исследованиях ряда потенциальных фармакологических средств на мутагенную активность в тесте Эймса и на генотоксичность на мышах методом ДНК-комет. Эти работы проводились в рамках Государственной в период 2014–2020 гг. в рамках Государственной программы «Фарма-2020».

На кафедре генетики Санкт-Петербургского университета разработан метод изучения генотоксичности химических соединений на дрожжах, названный альфа-тестом.

В настоящее время основными ограничениями развития генотоксикологических исследований в Российской Федерации являются:

1. Отсутствие спроса и заинтересованности у химических производств и фармацевтических компаний в изучении генетической безопасности веществ, вводимых в хозяйственный оборот.

2. Отсутствие заинтересованности у экологических структур в расширении генетического мониторинга окружающей среды и на производственных площадках.

3. Большая затрудненность покупки или получения новых специально созданных для генотоксикологических исследований тест-штаммов, клеточных линий и трансгенных линий мышей у зарубежных компаний или научных лабораторий.

Информация об авторе:
Абилев Серикбай Каримович, ORCID ID 0000-0001-8636-6828

DOI: 10.48612/altuhov/2026_05-02

Изучение механизмов адаптации растений к хроническому облучению с помощью прооксидантных, антиоксидантных и генетических маркеров

Антонова Е.В.*, Шималина Н.С., Аврамова Е.С.
Институт экологии растений и животных УрО РАН, Екатеринбург, Россия
**e-mail: selena@ipae.uran.ru*

Studying the mechanisms of plant adaptation to ionizing radiation using pro-oxidant, antioxidant and genetic markers

Antonova E.V.*, Shimalina N.S., Avramova E.S.
Institute of Plant and Animal Ecology, Ural Branch of RAS, Yekaterinburg, Russia
**e-mail: selena@ipae.uran.ru*

Резюме. Малые дозы ионизирующей радиации (МДИР) являются значимым экологическим фактором, который индуцирует окислительный стресс и запускает каскад адаптивных реакций на всех уровнях биологической организации. Систематизированы литературные данные о дозовых нагрузках и маркерах адаптации растений к МДИР. Отмечены наиболее чувствительные показатели, характеризующие молекулярные, биохимические, цитогенетические, генетические и эпигенетические изменения. Обсуждаются ограничения и перспективы использования данных маркеров для радиоэкологических исследований.
Ключевые слова: ионизирующее излучение, малые дозы, растения, система антиоксидантной защиты, молекулярные, генетические и эпигенетические маркеры

Abstract. Low-dose ionizing radiation (LDIR) is a significant environmental factor that induces oxidative stress and triggers a cascade of adaptive responses at all biological levels. This abstract of the report systematizes literature data on dose loads and markers of plant adaptation to LDIR. The most sensitive indicators characterizing molecular, biochemical, cytogenetic, genetic, and epigenetic changes are identified. The limitations and potential uses of these markers for radioecology studies are discussed.
Keywords: ionizing radiation, low doses, plants, antioxidant defense system, molecular, genetic, and epigenetic markers

Штатная и аварийная работа предприятий атомной промышленности привела к загрязнению обширных территорий долгоживущими радионуклидами. Ионизирующая радиация представляет собой значимый экологический фактор, одним из механизмов которого является образование активных форм кислорода и развитие окислительного стресса. Впоследствии многоуровневый стресс запускает каскад молекулярных, клеточных и популяционных ответов. Хроническое облучение растений и их сообществ в зонах радиационных аварий (Кыштымская, Чернобыльская, Фукусимская) и инцидентов индуцирует сложный комплекс адаптивных реакций, который не может быть предсказан на основании эффектов острого облучения большими дозами из-за нелинейности наблюдаемых зависимостей, сочетанного действия радиационного и других экологических факторов [1], а также многофакторности процесса адаптации [2].

Оценка отдаленных последствий действия МДИР требует использования маркеров, характеризующие разные уровни организации (от молекулярно-клеточного до популяционного). Поэтому цель настоящего исследования – систематизация данных о прооксидантных, антиоксидантных, молекулярно-генетических и эпигенетических

маркерах у растений при действии МДИР в зависимости от мощности поглощенной дозы (МПД).

Поиск исследований проводили в базах Google Scholar, Scopus, Web of Science, PubMed по ключевым словам: chronic radiation, low dose, plants, antioxidant enzymes, DNA damage, epigenetic markers и другие. Все извлеченные данные были структурированы в программе Microsoft Excel в единую таблицу, каждая из записей (строк) которой содержала следующую информацию: вид растения, плоидность генома, жизненную форму (деревья, кустарники, кустарнички, травы), тип облучения, длительность облучения, зону загрязнения (в случае полевых исследований), доминирующий радионуклид, метод оценки дозы, МПД, используемый материал, группу маркеров, ключевой параметр (endpoint), направленность и величину эффекта относительно контроля и библиографическую ссылку. Для последующего мета-анализа (оценка размера эффекта и уровня значимости) предусмотрены дополнительные поля. К настоящему времени создана база данных, состоящая из более чем 100 полевых и лабораторных экспериментов. Разделение исследований на полевые и лабораторные связано с тем, что в природной среде организмы более чувствительны к облучению [3], поэтому при одной и той же дозе эффекты могут различаться. На данном этапе в анализ включены только работы с указанием МПД и количественных радиобиологических эффектов. Анализ источников проведен по типу описательного обзора и не содержит элементов мета-анализа, однако заложенная структура данных позволяет перейти к нему в ближайшем будущем.

На каждом уровне биологической организации нами были выделены ключевые параметры. К ним можно отнести: систему прооксидантов (активные формы кислорода, которые запускают каскад радиационно-индуцированного окислительного стресса, перекисное окисление липидов) и антиоксидантов (ферментативное звено антиоксидантной защиты, неферментные низкомолекулярные антиоксиданты), фитогормоны, молекулярно-генетические маркеры (микросателлиты, ISSR, экспрессия генов, метилирование ДНК, метод ДНК-комет и др.), OMICS-технологии (эпигенетические маркеры, мобильные генетические элементы, транскриптом, протеом, метаболом), клеточные (стабильность мембран, соматические мутации, цитогенетические и цитотоксические эффекты, маркеры апоптоза и геномной нестабильности) и тканевые (структурные перестройки в тканях разных органов) маркеры. Анализ публикаций показал, что большинство исследований было проведено на модельных объектах, дикорастущим растениям уделено меньше внимания.

Для каждой группы маркеров были проанализированы зависимости «доза – эффект». За скрининговый уровень, указанный при оценке риска ERICA Tool, принята МПД менее 10 мкГр/ч, ниже которой радиобиологические эффекты маловероятны [4]. Рассматриваются эффекты при МПД, равной от 10 до 100 мкГр/ч и выше 100 мкГр/ч. Основными ограничениями для проведения анализа (при указании в публикации МПД) является большая неопределенность при расчете МПД разными методами. Обнаружено неравномерное распределение исследований по разным таксономическим группам, а некоторые таксоны и экологические группы (мхи, лишайники, пустынные, болотные растения) оказались практически полностью не изучены. Обсуждается возможность подбора наиболее перспективного и относительно недорогого экспресс-комплекса для целей радиоэкологического мониторинга.

Исследование выполнено за счет гранта Российского научного фонда №25-24-00902 (https://rscf.ru/project/25-24-00902/).

Список литературы
1. Pozolotina V.N., Antonova E.V., Lebedev V.A., Shimalina N.S., Mikhailovskaya L.N., Modorov M.V. Morphological abnormalities in young trees of *Pinus sylvestris* L. in the Kyshtym accident zone: radiation and other environmental factors // International J. of Radiation Biology. 2026. V. 102, №6. P. 671–685. DOI: 10.1080/09553002.2026.2643315
2. Geras'kin S. Plant adaptation to ionizing radiation: Mechanisms and patterns // Science of the Total Environment. 2024. V. 916. Art. 170201. DOI: 10.1016/j.scitotenv.2024.170201
3. Garnier-Laplace J., Geras'kin S., Della-Vedova C., Beaugelin-Seiller K., Hinton T. G., Real A., Oudalova A. Are radiosensitivity data derived from natural field conditions consistent with data from controlled exposures? A case study of Chernobyl wildlife chronically exposed to low dose rates // J. Environ. Radioact. 2013. V. 121 (Special Issue). P. 12–21. DOI: 10.1016/j.jenvrad.2012.01.013
4. Garnier-Laplace J., Copplestone D., Gilbin R., Alonzo F., Ciffroy P., Gilek M., Aguero A., Bjork M., Oughton D. H., Jaworska,A., Larsson C. M., Hingston J. L. Issues and practices in the use of effects data from FREDERICA in the ERICA Integrated Approach // J. Environ. Radioact. 2008. V. 99(9). P. 1474–1483. DOI: 10.1016/j.jenvrad.2008.04.012

Информация об авторах:
Антонова Елена Валерьевна, ORCID 0000-0001-8042-8047
Шималина Надежда Сергеевна, ORCID 0000-0003-1458-496X
Аврамова Елена Степановна, ORCID 0000-0003-3341-4456

DOI: 10.48612/altuhov/2026_05-03

Эколого-генетическая оценка последствий влияния радиации на устойчивость генома природных популяций и человека

Бигалиев А.Б.[1]*, Чередниченко О.Г.[2], Шалабаева К.З.[1], Кулимбетов А.С.[3], Адилова Л.М.[3], Кожахметова А.Н.[1], Пилюгина А.Л.[2], Мырзатай А.М.[1]

[1]Казахский национальный университет им. аль-Фараби МНВО РК, Алматы, Казахстан

[2]НИИ генетики и физиологии МНВО РК, Алматы, Казахстан

[3]Казахский национальный медицинский университет им. С.Д. Асфендиярова МЗ РК, Алматы, Казахстан

**e-mail:aitkhazha@gmail.com*

Ecological and Genetic Assessment of the Effects of Radiation on the Genome Stability of Natural Populations and Humans

Bigaliyev A.B.[1]*, Cherednichenko O.G.[2], Shalabayeva K.Z.[1], Kulimbetov A.S.[3], Adilova L.M.[3], Kozhakhmetova A.N.[1], Pilyugina A.L.[2], Myrzatay A.M.[1]

[1]Al-Farabi Kazakh National University, Ministry of Science and Higher Education of the Republic of Kazakhstan, Almaty, Kazakhstan

[2]Research Institute of Genetics and Physiology, Ministry of Science and Higher Education of the Republic of Kazakhstan, Almaty, Kazakhstan

[3]S.D. Asfendiyarov Kazakh National Medical University, Ministry of Health of the Republic of Kazakhstan, Almaty, Kazakhstan

**e mail:aitkhazha@gmail.com*

Резюме. Проведена эколого-генетическая оценка влияния радиационного загрязнения на устойчивость генома природных популяций и человека в районах уранового производства. Установлено, что повышенный радиационный фон сопровождается увеличением частоты хромосомных аберраций, микроядер и изменениями полиморфизмов генов репарации ДНК (XRCC1, XRCC3), свидетельствующими о генетической нестабильности. Полученные результаты подтверждают мутагенное

действие хронических малых доз радиации и обосновывают необходимость генетического мониторинга населения.
Ключевые слова: радиационное загрязнение, устойчивость генома, генетическая нестабильность, хромосомные аберрации, микроядерный тест, природные популяции
Abstract. An ecological and genetic assessment of the effects of radiation contamination on the genome stability of natural populations and humans in areas surrounding uranium production facilities was conducted. Elevated radiation levels were associated with an increased frequency of chromosomal aberrations, micronuclei, and polymorphic variations in the DNA repair genes XRCC1 and XRCC3, indicating the development of genetic instability. The findings confirm the mutagenic effects of chronic low-dose radiation exposure and emphasize the need for long-term genetic monitoring of exposed populations.
Keywords: radiation contamination; genome stability; genetic instability; chromosomal aberrations; micronucleus assay; natural populations

В данном сообщении приведены результаты полевых и лабораторных исследований радиационно-загрязненных территорий полигонов и их влияние на устойчивость генома природных популяций и человека. Полигон захоронения твердых отходов уранового производства расположен в прибрежной зоне Каспия, вблизи г. Актау. Первоначально на обследуемых территориях проводили фенологические наблюдения за растительностью. Установлено удлинение фаз цветения и плодоношения у доминантных видов растений (полынь, адыраспан, солянки), что, вероятно, связано как с климатическими изменениями последних лет, так и с действием антропогенных факторов, включая радиацию и химическое загрязнение. Сравнение с контрольными территориями позволило выявить морфо-физиологические изменения у растений и животных, что интерпретировали как ответную реакцию организма на действие факторов техногенного происхождения среды обитания. Выявленные виды местной флоры и фауны могут рассматриваться как индикаторы изменений в природных популяциях загрязнённых территорий. Картографические исследования для анализа пространственного распределения радиационного фона выполнены современными методами геостатистического моделирования, реализованный с использованием инструментов Geostatistical Analyst в программной среде ArcGIS Pro. Так, на основе интерполяции полученных исполнителями проекта результатов полевых радиологических исследований (гамма-спектрометрия) выявлена четко выраженная направленность пространственного распределения радиационного фона от ТПО к прибрежной зоне центральной части города Актау со снижением направления к агломерации города. Полученные контуры интерполяции позволили выделить несколько зон с различной интенсивностью радиационного фона. Классификация территорий по уровням облучения продемонстрировала градацию от участков с повышенными значениями (выше 1,5 мЗв/ч) до зон с минимальными показателями (менее 0,1 мЗв/ч). Наибольшие значения радиационного фона выявлены в прибрежной зоне г. Актау, где интенсивность достигает 1,98 мЗв/ч в грунте, что более чем в два раза превышает показатели в воде (0,98 мЗв/ч). Сходная картина наблюдается в пределах промышленной зоны, где концентрация в грунтовых пробах составила 1,15 мЗв/ч, тогда как в воде — 0,97 мЗв/ч. Данные результаты свидетельствуют о том, что техногенные источники оказывают значимое влияние на формирование локальных аномалий радиационного поля. Результаты эколого-генетических исследований подтверждают наличие прямой взаимосвязи между уровнем радиационного загрязнения окружающей среды и изменениями в геноме человека и животных. В частности, установлено, что среди жителей экспонированных населённых пунктов (с. Баскудык, с.

Акшукыр, с. Атамекен, с. Батыр) частота индуцированных аберраций статистически значимо ($p<0,01$) превышает показатели контрольной группы, что согласуется с ранее опубликованными данными. В контрольных территориях уровень хромосомных аберраций не превышал 2%, тогда как в экспонированных группах он достигал 5,1%, т.е. малые дозы радиации способны индуцировать генетическую нестабильность. Заслуживают внимания результаты цитогенетических исследований на животных (большая песчанка – *Rhombomys opimus*). В костном мозге грызунов, отловленных вблизи полигона, частота хромосомных нарушений превышала спонтанный уровень в 3,5 раза, при этом наблюдалось увеличение частоты анеуплоидных клеток. Эти данные подтверждают, что радиационное загрязнение оказывает выраженное мутагенное действие на биоту, а значит, представляет экологическую угрозу для человека и устойчивости экосистемы. Результаты микроядерного теста также показали высокую информативность метода для скрининга групп риска в больших популяциях. В крови жителей обследованных территорий выявлены значительные различия в частоте клеток с микроядрами в зависимости от места проживания т.е. расстояния от источника загрязнения.

Особенно тревожными являются данные для детей (например, у жителей п. Баскудык до 5 лет – до 0,244 и значительно превышает показатели у взрослых), что указывает на высокую чувствительность детского организма к радиационному воздействию. Подобные результаты коррелируют с данными литературы о генотоксическом влиянии хронического воздействия малых доз радиации на репродуктивное и общее здоровье населения.

Молекулярно-генетический анализ генов репарации ДНК *XRCC1* (Arg194Trp) и *XRCC3* (Thr241Met) позволил выявить что среди жителей подвергавшихся длительному воздействию малых доз радиации значительное число носителей гетерозиготных и мутантных аллелей. В частности, для гена *XRCC1* более 48% обследованных имели гетерозиготный вариант Arg/Trp, а 6,9% – гомозиготный Trp/Trp, что может снижать эффективность репарации одноцепочечных разрывов ДНК. Для гена *XRCC3* половина обследованных оказались носителями генотипа Thr/Met, что также может повышать чувствительность к радиации. Результаты проведённого исследования демонстрируют взаимосвязь между воздействием радиации и генетической патологией в популяциях контактного населения, что согласуется и с данными литературы [1-7]. Установленные изменения в стабильности генома человека и животных подтверждают необходимость дальнейших исследований и разработки программ генетического мониторинга в целях профилактики заболеваний популяций контактного населения.

Список литературы

1. Bigaliev A. B., Bekmanov B., Myrzatay A., Kozhakhmetova A., Shalabaeva K., Kulimbetov A., Kenzheyeva Zh., Cherednichenko O., Salmurzauly R., Zhumanova R., Adilova L. Cytological and Molecular Genetic Screening of the Impact of Radiation Contamination on the Human Genome and Public Health (Cytogenetic, Genome Variation) // ES Energy & Environment. 2025. Vol. 29. P. 1744. https://dx.doi.org/10.30919/ee1744 10.30919/ee1744
2. Dertinger, S.D.; Torous, D.K.; Hall, N.E.; Tometsko, C.R.; Buck, C.H.; Krupp, T.L.; et al. Relevance of micronucleus induction in human lymphocytes as an indicator of genotoxic exposure in vivo. Mutation Research 2000, 472(1–2), P. 147–156, https://doi.org/10.1016/S1383-5718(00)00138-2
3. Ilinskikh, K.K.; Novitsky, V.V.; Vanchugova, N.N.; Ilinskikh, I.N. Micronucleus assay and cytogenetic instability; Tomsk State University Press: Tomsk, Russia, 1991; 272 p. (In Russ.)
4. Haverić, A.; Gajski, G.; Beganović, A.; et al. Medical personnel occupationally exposed to low-dose ionising radiation in the Federation of Bosnia and Herzegovina: a cytogenetic study. Genetic

Toxicology and Environmental Mutagenesis 2022, 882, Article ID 503546, https://doi.org/10.1016/j.mrgentox.2022.503546
5. Kuzmina, N.S.; Myazin, A.E.; Lapteva, N.Sh.; Rubanovich, A.V. Study of aberrant methylation in the blood leukocytes of Chernobyl accident liquidators. Radiat. Biol. Radioecol. 2014, 54, 127–139. https://doi.org/10.7868/S0869803114020064
6. Sevan'kaev, A.V.; Vorobtsova, I.E.; Bochkov, N.P.; et al. Assessment of the spectrum and frequency of chromosomal aberrations in the blood lymphocytes of nuclear industry workers. Radiation Hygiene 2020, 13(4), 5–13 (In Russ.), https://doi.org/10.21514/1998-426X-2020-13-4-5-13
7. Fenech, M.; Knasmueller, S.; Bolognesi, C.; Holland, N.; Bonassi, S.; Kirsch-Volders, M. Micronuclei as biomarkers of DNA damage, aneuploidy, inducers of chromosomal hypermutation and as sources of pro-inflammatory DNA in humans. Mutat. Res. Rev. Mutat. Res. 2020, 786, 108342, https://doi.org/10.1016/j.mrrev.2020.108342

Информация об авторах:
Бигалиев Айтхажа Бигалиевич, ORCID ID 0000-0003-4274-6305
Чередниченко Оксана Геннадьевна, ORCID ID 0000-0001-5681-639X
Шалабаева Клара Зулхарнаевна, ORCID ID 0000-0001-6836-4829
Кулимбетов Амангельды Сейтмагамбетович, ORCID ID 0000-0003-2994-6935
Кожахметова Айзада Нурахметкызы, ORCID ID 0000-0002-5311-8083
Пилюгина Анастасия Леонидовна, ORCID ID 0000-0001-5812-6392
Мырзатай Аяулым Мирболатовна, ORCID ID 0000-0002-4830-2310

DOI: 10.48612/altuhov/2026_05-04

Генетические процессы в популяциях растений чернобыльской зоны

Гераськин С.А.*
НИЦ «Курчатовский институт» - Курчатовский комплекс радиологии и агроэкологии, Обнинск, Россия
**e-mail: stgeraskin@gmail.com*

Genetic processes in plant populations of the Chernobyl zone

Geras'kin S.A.*
NRC "Kurchatov Institute" – Kurchatov Complex of Radiology and Agroecology, Obninsk, Russia
**e-mail: stgeraskin@gmail.com*

Резюме. Представлены данные о генетических процессах в популяциях растений чернобыльской зоны. Хроническое радиационное воздействие активирует биологические механизмы, приводящие к повышению радиорезистентности популяции. Высокие мощности доз хронического облучения приводят к отбору на эффективность систем репарации, тогда как низкие мощности доз активируют эпигенетические механизмы, которые ведут к поддержанию окислительного баланса, дополнительному синтезу шаперонов и контролю перемещения мобильных генетических элементов.
Ключевые слова: генетические процессы в популяциях, радиоадаптация, авария на Чернобыльской АЭС

Abstract. Data on genetic processes in plant populations in the Chernobyl zone are presented. Chronic radiation exposure activates biological mechanisms that lead to increased radioresistance in the population. High dose rates of chronic exposure lead to selection for the effectiveness of reparative systems, while low dose rates activate epigenetic mechanisms that maintain oxidative balance, promote additional chaperone synthesis, and control the movement of mobile genetic elements.
Keywords: genetic processes in populations, radioadaptation, the Chernobyl nuclear power plant accident

Вопрос о возможности адаптации растений и животных к жизни в условиях повышенного радиационного фона имеет как несомненное фундаментальное общебиологическое значение, так и важные практические следствия. В каких условиях такая адаптация возможна? Каковы закономерности и механизмы этого процесса? Впервые эти вопросы были детально рассмотрены в исследованиях на Восточно-Уральском радиоактивном следе (ВУРС). Исследования на загрязненных в результате Чернобыльской аварии территориях внесли существенный вклад в наше понимание процессов адаптации.

Загрязненные радионуклидами территории предоставляют нам редкий шанс в естественных условиях исследовать долговременные экологические и биологические последствия резкого изменения комплекса экологических факторов, направленности и интенсивности естественного отбора. В этой связи нас будут интересовать ответы на следующие вопросы:

- каков мутагенный эффект хронического радиационного воздействия в низких дозах?

- какова судьба индуцированных мутаций в измененных экологических условиях?

- является ли хроническое радиационное воздействие фактором отбора, изменяющим генетическую структуру популяций?

- в каких ситуациях происходит адаптация популяций к хроническому радиационному воздействию?

В каком направлении меняется генетическая структура популяций, вынужденных развиваться в условиях хронического облучения? Постоянно действующее антропогенное воздействие включает генетические и эпигенетические механизмы, результатом работы которых является направленная на повышение устойчивости к действующему фактору эволюция. В докладе представлены данные об изменении генетической структуры популяций растений и животных чернобыльской зоны. Показано, как со временем происходит снижение доли радиочувствительных организмов и возрастание доли устойчивых к облучению. На территориях с низким уровнем загрязнения подобные микроэволюционные преобразования происходят медленнее или не происходят вовсе. Таким образом, степень проявления феномена радиоадаптации зависит от интенсивности и продолжительности радиационного воздействия.

Адаптация природных популяций к неблагоприятным условиям существования может происходить достаточно быстро, буквально в течение нескольких генераций. Однако так происходит далеко не всегда. Отсутствие эффекта радиоадаптации было обнаружено нами в популяциях сосны (*Pinus sylvestris* L.) из Брянской области и в популяциях тонконога *(Koeleria gracilis* Pers*)* с территории Семипалатинского испытательного полигона.

Почему эффект радиоадаптации не всегда обнаруживается в природных популяциях? Дело в том, что приспособленность к неблагоприятной среде, как правило, ассоциирована с пониженной конкурентоспособностью в благоприятных условиях. Поэтому в условиях гетерогенного загрязнения, как это было, например, на Семипалатинском испытательном полигоне, повышенная радиоустойчивость, как правило, не возникает. А возникнув, не сохраняется в поколениях. Что мы и видели на примере тонконога.

Кроме того, радиоадаптация регистрируется только у части видов, населяющих загрязненную территорию, и не обнаруживается у других, несмотря на одинаковые условия существования. Так, на ВУРС радиорезистентность в популяциях

радиочувствительных видов растений выросла в 3-4 раза и осталась той же самой у произрастающих рядом более радиорезистентных видов.

Более того, ответная реакция популяции на хроническое радиационное воздействие зависит не только от вида организма и ассоциированных с этим занимаемой экологической ниши, радиочувствительности, рациона и способа размножения, но и от биофизических характеристик излучения. Действительно, на участках с повышенным содержанием α-излучающих радионуклидов, радиоадаптация, как правило, не наблюдается. Подтверждающие это утверждение результаты были получены в Республике Коми, поселок Водный, на популяциях мышиного горошка (*Vicia cracca* L.). Аналогичные результаты были получены на участках с повышенным содержанием изотопов Pu в 10-км зоне ЧАЭС. В целом, в силу упомянутых причин, в природе эффект радиоадаптации наблюдается столь же часто, как и его отсутствие.

Хроническое радиационное воздействие может активировать биологические механизмы, приводящие к повышению радиорезистентности популяции. Чем выше уровень радиационного воздействия и чувствительность растений к радиации, тем интенсивнее отбор на увеличение радиорезистентности. В зависимости от обстоятельств повышенная радиорезистентность популяции может быть достигнута разными путями или вообще не появиться. Высокие мощности доз хронического облучения приводят к отбору на эффективность систем репарации, тогда как низкие мощности доз активируют эпигенетические механизмы, которые приводят к поддержанию окислительного баланса, дополнительному синтезу шаперонов и контролю перемещения мобильных генетических элементов.

Информация об авторе:
Гераськин Станислав Алексеевич, ORCID 0000-0001-9978-3049

DOI: 10.48612/altuhov/2026_05-05

Генетические основы адаптивной внутривидовой дивергенции *Aegilops tauschii*

Дудников А.Ю.*, Васильев Г.В.
Институт цитологии и генетики СО РАН, Новосибирск, Россия
**e-mail: dudnikov@bionet.nsc.ru*

Genetic basis of adaptive intra-species divergence of *Aegilops tauschii*

Dudnikov A.Ju.*, Vasiliev G.V.
Institute of Cytology and Genetics, Siberian Branch of Russian Academy of Sciences, Novosibirsk, Russia
**e-mail: dudnikov@bionet.nsc.ru*

Резюме. Последовательности транскриптомов были получены для 72 образцов *Aegilops tauschii*, представляющих весь ареал вида. Значения Ka/Ks были посчитаны для 27448 генов. Были выявлены гены находящиеся под действием положительного естественного отбора; среди них – гены устойчивости к патогенам, гены вовлеченные в фотосинтез, регуляцию транскрипции, реакцию на световые стимулы, и т.д.
Ключевые слова: Aegilops tauschii, внутривидовая дивергенция, Ka/Ks, естественный отбор, секвенирование следующего поколения, R-гены, транскриптомные последовательности

Abstract. Transcriptome sequences were obtained for 72 accessions of *Aegilops tauschii*,

representing all the species range. Ka/Ks values were calculated for 27448 genes. Among genes under positive selection were resistance genes, genes involved in photosynthesis, response to light stimuli, regulation of transcription, etc.
Keywords: Aegilops tauschii, intraspecies divergence, Ka/Ks, natural selection, next generation sequencing, resistance genes, transcriptome sequences

Aegilops tauschii – дикий диплоидный злак (2n = 14, геном DD), преимущественно самоопылитель. Вид представлен большим количеством небольших локальных популяций, “разбросанных” по обширному ареалу в центральной Евразии. *Ae. tauschii* – удобный модельный объект для эволюционно-генетических исследований: его местообитания, участки полупустынной кустарниковой степи на склонах холмов, не были затронуты хозяйственной деятельностью человека; геном *Ae. tauschii* был секвенирован и аннотирован.

Внутривидовая дивергенция *Ae. tauschii* в основном имеет адаптивный характер. Ранее было показано, что структура филогенетического древа *Ae. tauschii* – это результат долгого и сложного конкурентного взаимодействия филогенетических линиджей вида.

Задачей данного исследования было выявить гены, полиморфизм которых играет ключевую роль в успешной адаптивной эволюции *Ae. tauschii*.

Было отобрано 72 образца *Ae. tauschii*, представляющих весь ареал вида. Из листьев была выделена РНК, и получены библиотеки – по 20 млн. парных ридов 150 п.н. На основе полученных транскриптомных последовательностей был создан и аннотирован VCF файл, содержащий информацию о вариабельности кодирующих последовательностей 27448 генов *Ae. tauschii* (i.e. около 2/3 всех генов *Ae. tauschii*), и для каждого гена было посчитано значение Ka/Ks.

Были выявлены функции (GO термины), которые статистически достоверно, относительно чаще встречались у генов с высоким значением Ka/Ks (i.e. Ka/Ks > 0.8). Таких GO терминов было отмечено 193 (из общего числа 4336 GO терминов имевшихся в аннотации для нашей выборки генов).

Было показано, что эволюционный прогресс *Ae. tauschii* в значительной степени связан с вариабельностью генов, помогающих растению приспосабливаться к различным экологическим условиям, отвечать на изменения природной среды и эффективно использовать энергию.

В числе генов, играющих ключевую роль в адаптивной эволюции *Ae. tauschii*, были отмечены гены противодействующие патогенным факторам (GO:0043531, “белки нековалентно связывающиеся с ADP”, + GO:0051707, “ответ на воздействие других организмов”, + GO:0006952, “защитный ответ”), гены связанные с использованием света в процессе фотосинтеза (GO:0009538), а также гены связанные с использованием света как информационного сигнала (GO:0009882), гены задействованные в регуляции транскрипции, гены задействованные в регуляции сигнальной системы ясминовой кислоты, гены обеспечивающие работу электронной транспортной цепи и т.д.

Информация об авторах:
Дудников Александр Юрьевич, ORCID ID 0000-0002-4866-8822
Васильев Геннадий Владимирович, ORCID ID 0000-0003-0929-6832

DOI: 10.48612/altuhov/2026_05-06

Молекулярно-генетическая идентификация криптических видов рода *Echinochasmus* Dietz, 1909 (Trematoda: Echinochasmidae) на юге Дальнего Востока России

Затолока Д.А.[1]*, Басенко К.А.[2], Татонова Ю.В.[2]
[1]*Дальневосточный федеральный университет, Владивосток, Россия*
[2]*Федеральный научный центр биоразнообразия наземной биоты Восточной Азии ДВО РАН, Владивосток, Россия*
**e-mail: anp.197@yandex.ru*

Molecular genetic identification of cryptic species of the genus *Echinochasmus* Dietz, 1909 (Trematoda: Echinochasmidae) from the southern Russian Far East

Zatoloka D.A.[1*], Basenko K.A.[2], Tatonova Yu.V.[2]
[1]*Far Eastern Federal University, Vladivostok, Russia*
[2]*Federal Scientific Center of the East Asia Terrestrial Biodiversity, Far Eastern Branch, Russian Academy of Sciences, Vladivostok, Russia*
**e-mail: anp.197@yandex.ru*

Резюме. Представители рода *Echinochasmus* Dietz, 1909 (семейство Echinochasmidae Dietz, 1909) являются паразитическими червями, способными инфицировать широкий круг хозяев, включая человека, но их видовой состав изучен неполно из-за наличия криптических видов. На юге Дальнего Востока России на основе анализа нуклеотидных последовательностей генов 28S рРНК и *cox1* мтДНК были выделены три новых криптических вида внутри рода *Echinochasmus*. Эти виды распространены в бассейне реки Амур, причем один из них также ранее обнаружен на территории Японии. Результаты указывают на необходимость применения комплексного подхода для уточнения видового состава и ареалов этих эпидемиологически значимых трематод.
Ключевые слова: Echinochasmus, криптические виды, трематоды, *cox1*, *28S*, Дальний Восток России

Abstract. Representatives of the genus *Echinochasmus* Dietz, 1909 are parasitic worms capable of infecting a wide range of hosts including humans; however, their species composition remains understudied due to the presence of cryptic species. On the south of the Russian Far East, three new cryptic species were identified within the genus *Echinochasmus* using the 28S rRNA and *cox1* mtDNA genes. These species are distributed in the Amur River basin, with one of them previously detected in Japan. The results indicate the need for an integrated approach to clarify the species composition and ranges of these epidemiologically significant trematodes.
Keywords: Echinochasmus, cryptic species, trematodes, *cox1*, 28S, Russian Far East

Представители семейства Echinochasmidae являются паразитическими плоскими червями с широким кругом хозяев. Промежуточными хозяевами являются моллюски, амфибии и пресноводные рыбы, а окончательными — птицы и млекопитающие, включая человека [1]. Были зарегистрированы случаи заражения людей такими видами рода *Echinochasmus*, как *E. milvi* Yamaguti, 1939*, E. japonicus* Tanabe, 1926 и другие [1, 2]. Потенциальная эпидемиологическая угроза со стороны данных трематод, а также их широкая распространенность в исследуемом регионе обусловливает необходимость детального анализа их видового разнообразия. При этом наличие обнаруженных ранее криптических видов [3, 4] указывает на незавершенность систематики данного рода, что актуализирует применение расширенного комплекса дифференцирующих критериев для

верификации таксонов. Поэтому для уточнения видового состава рода *Echinochasmus* на юге российского Дальнего Востока в настоящем исследовании использовали ядерный маркер — частичную последовательность гена 28S рРНК и митохондриальный маркер — частичную последовательность гена *cox1* мДНК.

Изученный паразитологический материал представлен длиннохвостыми церкариями, выделяемыми естественно инфицированными моллюсками семейства Semisulcospiridae и соответствующими морфологическому описанию *Echinochasmus milvi*. Моллюски собраны в разных локалитетах юга Дальнего Востока России (Амурская область и Еврейская автономная область, а также Приморский и Хабаровский края). На основе анализа последовательностей гена *cox1* мтДНК идентифицированы три группы внутри рода *Echinochasmus, отличающиеся от всех ранее описанных видов с длиннохвостыми церкариями*. Генетические дистанции (*p*-дистанции) между всеми обнаруженными группами находятся на межвидовом уровне, характерном для этой группы трематод. Для гена 28S рРНК также обнаружены нуклеотидные замены, отделяющие найденные образцы криптических видов от ранее описанных *E. milvi* и *Echinochasmus suifunensis* Besprozvannykh, 1991 [3].

Несмотря на приуроченность данных трематод к бассейну реки Амур, выявленные виды различаются по характеру своего географического распространения в пределах юга Дальнего Востока. При этом один из них зарегистрирован как в России, так и на островах Японии. Столь обширный ареал, вероятно, обусловлен участием в жизненном цикле этого паразита птиц, способствующих трансграничному переносу трематод через Японское море.

Таким образом, на юге Дальнего Востока России обитает как минимум три ранее неописанных криптических вида рода *Echinochasmus*. Жизненные циклы найденных видов на данный момент не изучены, однако принадлежность к роду *Echinochasmus* обусловливает потенциально опасный эпидемиологический статус этих паразитов для человека. Эти результаты указывают на необходимость дополнительных исследований представителей рода *Echinochasmus* для установления полного видового состава с учетом криптических видов, выявленных в настоящем исследовании с помощью молекулярно-генетического подхода. Полученные данные станут основой для последующего обнаружения других стадий жизненного цикла новых видов, их морфологического описания, а также для определения их точного ареала и влияния на эпидемиологическую обстановку в регионе.

Список литературы

1. Гаевская А.В. Мир паразитов человека. I. Трематоды и трематодозы пищевого происхождения. Севастополь: ЭКОСИ-гидрофизика, 2015, 411 с.
2. Ермоленко А.В., Попов А.Ф., Загней Е.В., Хомичук Т.Ф., Захарова Г.А., Нестерова Ю.В. Возбудители гельминтозов людей в Приморском крае // Вестник ДВО РАН. 2020 № 1 С. 114. DOI: 10.25808/08697698.2020.209.1.011
3. Tatonova Y.V., Izrailskaia A.V., Besprozvannykh V.V. *Stephanoprora amurensis* sp. nov., *Echinochasmus milvi* Yamaguti, 1939 and *E. suifunensis* Besprozvannykh, 1991 from the Russian southern Far East and their phylogenetic relationships within the Echinochasmidae Odhner 1910 // Parasitology. 2020 Vol. 147 Is. 13 C. 1469–1479. DOI: 10.1017/S0031182020001444
4. Kalinina K.A., Besprozvannykh V.V., Tatonova Y.V., Shchelkanov M.Y. A description of *Echinochasmus pseudobeleocephalus* n. sp. (Echinochasmidae) based on morphological and molecular data // Animals. 2023 Vol. 13 Is. 20 C. 1–13. DOI: 10.3390/ani13203236

Информация об авторах:
Затолока Дана Алексеевна, ORCID ID 0009-0001-8958-7885
Басенко Кристина Андреевна, ORCID ID 0009-0003-7706-3771
Татонова Юлия Викторовна, ORCID ID 0000-0003-0114-9088

DOI: 10.48612/altuhov/2026_05-07

Сравнение токсичности и генотоксичности двух антисептиков и двух соединений тяжёлых металлов с помощью бактериальных тест-систем.

Игонина Е.В.[1]*, Абилев С.К.[1,2]
[1]Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова РАН, Москва, Россия
[2]Московский государственный университет им. М.В. Ломоносова, Москва, Россия
**e-mail: iev555@ya.ru*

Comparison of toxicity and genotoxicity of two antiseptics and two heavy metal compounds using bacterial test systems.

Igonina E.V.[1]*, Abilev S.K.[1,2]
[1]N.I. Vavilov Institute of General Genetics, Russian Academy of Sciences
[2]Lomonosov Moscow State University, Moscow, Russia
**e-mail: iev555@ya.ru*

Резюме. Были изучены и сопоставлены токсичность и генотоксичность четырех веществ. Диоксидин и перекись водорода являются антисептиками, в то время как дихромат калия и хлорид кадмия являются соединениями тяжелых металлов и экологическими загрязнителями. С помощью lux-теста было показано, что их общим свойством является индукция активных форм кислорода. Диоксидин является наиболее токсичным и генотоксичным веществом. Дихромат калия обладает более высокой токсичностью и генотоксичностью, чем хлорид кадмия, что делает его более опасным экологическим загрязнителем.
Ключевые слова: lux-тест, свободные радикалы, летальная доза, окислительный стресс, диоксидин, перекись водорода, дихромат калия, хлорид кадмия, реакция Фентона

Abstract. The toxicity and genotoxicity of four substances were studied and compared. Dioxidine and hydrogen peroxide are antiseptics, while potassium dichromate and cadmium chloride are heavy metal compounds and ecopollutants. Using the lux test, it was shown that their common property is the induction of reactive oxygen species. Dioxidine is the most toxic and genotoxic substance. Potassium dichromate has higher toxicity and genotoxicity than cadmium chloride, making it a more dangerous ecopollutant.
Keywords: lux test, free radicals, lethal dose, oxidative stress, dioxidine, hydrogen peroxide, potassium dichromate, cadmium chloride, Fenton reaction

В настоящее время возрастает загрязнение почвы и водоёмов тяжёлыми металлами. Данное исследование посвящено изучению и сравнению молекулярно-генетических основ токсичности двух антисептических препаратов и двух соединений тяжёлых металлов – диоксидина, 3% перекиси водорода, дихромата калия и хлорида кадмия.

Хром – металл с переменной валентностью, в дихромате он имеет максимальную степень окисления +6, этим обусловлены сильные окислительные свойства этого вещества. Дихромат калия применяется для дубления кож, при котором используется способность хрома связываться с коллагеном, в спичечной промышленности, пиротехнике и др. Это соединение является высокотоксичным, канцерогенным, мутагенным, аллергенным веществом. Шестивалентный хром легко проходит через мембранные

анионные каналы, прочно соединяется с ДНК, а при восстановлении образует свободные радикалы.

Хлорид кадмия почти всегда имеет степень окисления +2. Наиболее широко применяется в составе антикоррозийных покрытий, как добавка в электролиты электрохимических батареек и аккумуляторов, в меньших объёмах используется как краситель и катализатор. Токсичен, канцерогенен. Поражает нервную систему, вызывает агрегацию белков.

H_2O_2 разлагается каталазой с выделением кислорода. При контакте с Fe^{2+} происходит выделение сильного окислителя – гидроксильного радикала (реакция Фентона).

Диоксидин при распаде выделяет супероксид анион-радикал. Он достаточно стабилен и способен проникать внутрь клетки и взаимодействовать с ДНК.

Были изучены следующие вещества и препараты: $K_2Cr_2O_7$ (Ч, ООО ТД «Химмед», Россия), $CdCl_2$ (ЧДА, «Реахим», СССР), диоксидин (АО «Новосибхимфарм») и 3% перекись водорода (АО «Самарамедпром», Россия.

При проведении lux-теста использовали генетически модифицированные люминесцирующие штаммы *E. coli* MG1655 (pCol::lux) и MG1655 (pSox::lux). Генетические характеристики штаммов были описаны ранее [1]. Эксперименты проводили по ранее описанному протоколу [2].

Чашечный метод. Тестирование проводили на чашках Петри на LB-агаре (25 г сухой смеси бульона Luria-Bertani и 20 г агара на 1 л). После измерения люминесценции из лунки планшета набирали 100 мкл жидкой культуры бактерий штамма MG1655 (pSox::lux), последовательно разводили её в 10^6 раз пробирках, содержащих физраствор и высевали на чашки Петри. После 24-часовой инкубации в термостате подсчитывали число КОЕ.

Скорость роста жидкой культуры оценивали по изменению мутности до и после инкубации, измеренной на денситометре DEN-1. Инкубацию проводили в термостате при 37 °С от 0-48 ч в стеклянных пробирках, содержащих 1,9 мл культуры штамма MG1655 (pSox::lux) и 0,1 мл тестируемого вещества.

В каждом эксперименте тестируемое вещество разбавлялось в 10 раз. В Таблице приведены конечные концентрации вещества в инкубационной среде. Во все культуральные LB-среды добавляли ампициллин для получения концентрации 100 мкг/мл.

100% летальной дозой (LD_{100}) считали нулевое количество КОЕ в чашечном тесте и нулевой прирост мутности жидкой культуры в тесте на скорость роста культуры.

Все три вещества показали статистически достоверное возрастание люминесценции в lux-тесте со штаммом MG1655 (pSox::lux). Со штаммом MG1655 (pCol::lux) значимые эффекты были выявлены для трёх веществ, $CdCl_2$ не показал SOS-ответа.

Таблица – Сравнение токсичных и генотоксичных концентраций тестируемых веществ, ммоль/мл, в скобках указано время инкубации

Тестируемое вещество	LD_{100} в чашечном тесте (1 ч)	Максимум люминесценции штамма MG1655 (pSox::lux)	Максимум люминесценции штамма MG1655 (pCol::lux)	LD_{100} в тесте на скорость роста культуры (24 ч)
Диоксидин	0,0001	0,00005	0,00005	0,0001
$K_2Cr_2O_7$	0,01	0,0015	0,001	0,0015
$CdCl_2$	0,075	0,00025	0,0001	0,0025
H_2O_2	0,035	0,0001-0,015	0,01	не выявлено

Наиболее токсичным из четырёх веществ оказался диоксидин. По показателю LD_{100} он в 100 токсичнее, чем дихромат калия, и в 350 раз – чем перекись водорода. Наименее токсичным для бактерий *E. coli* является хлорид кадмия – его LD_{100} в 750 раз выше, чем у диоксидина. Сравнение результатов чашечного теста и теста на скорость роста показывает, что летальная концентрация диоксидина не зависит от продолжительности инкубации. Тест на скорость роста культуры показал, что LD_{100} $K_2Cr_2O_7$ и $CdCl_2$ после 24-ч инкубации снизились в 7 и 30 раз соответственно, по сравнению с 1 ч инкубации в чашечном тесте. В тесте на скорость роста перекись водорода не показала антисептического эффекта.

Дозы, при которых наблюдается максимальная люминесценция диоксидина и $K_2Cr_2O_7$ были в 2-10 раз меньше летальной. В случае хлорида кадмия дозы, промоторы генов окислительного стресса и SOS-ответа активируются при дозах 300-750 раз меньше летальной концентрации, соответственно. Перекись водорода занимает среднее положение – при дозах в 2-350 раз ниже летальной люминесценция на штамме MG1655 (pSox::lux) выходит на плато. SOS-ответ, вызванный воздействием H_2O_2 достигает максимальной величины при дозе в 35 раз ниже летальной. Можно предположить, что индуцированный диоксидином и $K_2Cr_2O_7$ антистрессовый ответ не обеспечивает эффективной защиты, что приводит к гибели клеток *E. coli* при относительно низких дозах.

Если после окончания теста на скорость роста 0,1 мл культуры перенести в 1,9 мл свежей среды, то при некоторых летальных дозах наблюдалось восстановление роста культуры за счёт единичных выживших клеток. Так LD_{100} диоксидина при пересеве увеличивается в 5 раз – до 0,0005 ммоль/мл, летальная доза для $K_2Cr_2O_7$ не менялась, а для $CdCl_2$ при пересеве она увеличивалась в 2 раза – до 0,005 ммоль/мл. Наличие латентных жизнеспособных клеток может стать основой для возникновения резистентной популяции.

Все 4 вещества в lux-тесте со штаммом MG1655 (pSox::lux) показали способность индуцировать свободные радикалы. Тесты со штаммом MG1655 (pCol::lux) показали, что диоксидин, перекись водорода и дихромат калия проявляют повышенную люминесценцию вследствие остановки репликации. Эти результаты подтверждают имеющиеся литературные данные [3]. Наиболее токсичным из четырёх изученных веществ оказался диоксидин. Токсичность дихромата калия оказалась в 100 раз меньше токсичности диоксидина. Хлорид кадмия имеет наименьшую токсичность из 4-х изученных веществ. Он не проявил SOS-ответа в lux-тесте, но показал способность индуцировать свободные радикалы. Токсичность перекиси водорода для *E. coli* в 2 раза выше, чем токсичность хлорида кадмия, но на два порядка ниже по сравнению с диоксидином. При длительной инкубации перекись водорода теряет бактерицидность из-за химической нестабильности.

Можно сделать вывод, что из-за большей гено- и цитотоксичности дихромат калия является более опасным экологическим загрязнителем, чем хлорид кадмия.

Список литературы

1. Kotova, V.Y., Manukhov, I.V., Zavilgelskii, G.B. Lux-Biosensors for Detection of SOS-Response, Heat Shock, and Oxidative Stress. Appl. Biochem. Microbiol. 2010. V. 46. P. 781–788
2. Игонина Е.В., Марсова М.В., Абилев С.К. Lux-биосенсоры: скрининг биологически активных соединений на генотоксичность // Экологическая генетика. 2016. № 4. С.52–62. DOI: 10.17816/ecogen14452-62

3. Abilev S.K., Igonina E.V., Sviridova D.A., Smirnova S.V. Bacterial Lux Biosensors in Genotoxicological Studies // Biosensors. 2023. V. 13. № 5 511. DOI: 10.3390/bios13050511

Информация об авторах:
Игонина Елена Викторовна, ORCID ID 0000-0003-2327-2503
Абилев Серикбай Каримович, ORCID ID 0000-0001-8636-6828

DOI: 10.48612/altuhov/2026_05-08

Эффективность элонгации трансляции генов у дрожжей родов *Komagataella* и *Pichia*

Лашин С.А., Иванов Р.А., Афонников Д.А., Матушкин Ю.Г.*
Институт цитологии и генетики СО РАН, Новосибирск, Россия
**e-mail: mat@bionet.nsc.ru*

Translation elongation efficiency in yeasts of the genera *Komagataella* and *Pichia*

Lashin S.A., Ivanov R.A., Afonnikov D.A., Matushkin Yu.G.*
Institute of Cytology and Genetics, SB RAS, Novosibirsk, Russia
**e-mail: mat@bionet.nsc.ru*

Резюме. Полученные данные показывают, что основной механизм оптимизации процесса элонгации трансляции у исследованных видов дрожжей – оптимизация по частоте встречаемости кодонов. Показано, что гены ядра и около-ядра в среднем характеризуются большей вариабельностью индекса эффективности элонгации трансляции по сравнению с генами оболочки и облака, у которых медианные значения индекса ниже и распределение более сжато.
Ключевые слова: биоинформатика, эффективность трансляции, дрожжи, *Komagataella*, *Pichia*

Abstract. Our findings indicate that codon usage frequency is the predominant mechanism optimizing translation elongation in the studied yeast species. Core and near-core genes exhibit greater elongation efficiency index variability on average compared to shell and cloud genes, which show lower median index values and more compact distributions.
Keywords: bioinformatics, translation efficiency, yeast, *Komagataella*, *Pichia*

Экспрессия генов зависит от ряда факторов, одним из которых является эффективность трансляции белка с мРНК и, в частности, её самая длительная стадия, элонгация. Оценить эффективность процесса элонгации можно с помощью методов биоинформатики, которые позволяют учесть вклад в скорость этого процесса первичной структуры мРНК (кодонного состава), ее вторичной структуры и их комбинированные эффекты [1]. Ранее нами был создан метод оценки эффективности элонгации трансляции и программа EloE (https://www-bionet.sscc.ru:7780/EloE/), которая позволяет выделить несколько типов эволюционной оптимизации индекса эффективности элонгации трансляции (ИЭЭ) на основе сравнения рангов рибосомных генов с учётом как кодонного состава, так и способности мРНК к формированию вторичных структур (шпилек) [2]. Таким образом, с помощью анализа последовательностей генов можно оценить вклад молекулярных механизмов, которые обеспечивают процессы элонгации в клетках конкретного вида дрожжей, изучить их эволюцию и при необходимости учесть их при подборе последовательности рекомбинантного гена для производства рекомбинантных белков в биотехнологических процессах.

В работе проведен биоинформатический анализ особенностей механизмов элонгации трансляции у 192 видов дрожжей *Komagataella* на основе геномных данных. Анализировались геномы как референсных, так и производственных/лабораторных

штаммов представителей родов *Komagataella* и *Pichia*, полученные из открытых баз данных. В рамках данной работы был разработан автоматизированный вычислительный конвейер komag_pipeline. Он позволяет на основе хорошо аннотированных референсных геномов нескольких представителей этих микроорганизмов получать качественную аннотацию геномов остальных представителей этого рода. После этого выполняется вычисление интегральных показателей элонгации трансляции для всех генов в геноме, а также формирование сводных таблиц и визуализаций для последующей интерпретации результатов.

По данным аннотаций для каждого гена во всех 192 геномах были рассчитаны значения индексы (ИЭЭ). Для каждого штамма были проверены различные типы оптимизации элонгации (ИЭЭ1-ИЭЭ5) [1, 2]. Показано, что 138 геномов относится к 4 типу оптимизации по эффективности элонгации трансляции (оптимизация по частотно-кодонному составу и количеству шпилек в мРНК), а 54 – к 1 типу (оптимизация по частотно-кодонному составу). Однако рассмотрение среднего значения ИЭЭ генов рибосомных белков (M) и стандартного отклонения (R) показывает, что полученные значения M и R для ИЭЭ1 и ИЭЭ4 очень близки для большинства рассмотренных геномов. Далее на основании рассчитанных значений ИЭЭ1 для каждого генома были выделены топ-10 % генов с наивысшими значениями ИЭЭ: для каждого гена оценивали, в каком числе штаммов он попадает в топ-10 %. Затем гены были классифицированы на группы: (1) Ядро – гены, входящие в топ-10 % по ИЭЭ во всех 192 штаммах (153 гена); (2) Около-ядро – гены, входящие в топ-10 % более чем в 95 % штаммов (299 генов); (3) Оболочка – гены, входящие в топ-10 % от 10 % до 95 % штаммов (95 генов); (4) Облако – гены, входящие в топ-10 % менее чем в 10 % штаммов (104 гена).

Выделенные группы генов были сравнены между собой по медианным значениям ИЭЭ. Полученные результаты показывают, что основной механизм оптимизации процесса элонгации трансляции у исследованных видов дрожжей – оптимизация по частоте встречаемости кодонов. Показано, что гены ядра и около-ядра в среднем характеризуются большей вариабельностью ИЭЭ по сравнению с генами оболочки и облака, у которых медианные значения ИЭЭ ниже и распределение более сжато.

Исследование выполнено при поддержке бюджетного проекта № FWNR-2026-0023.

Список литературы

1. Likhoshvai V.A., Matushkin Yu.G. Nucleotide composition-based prediction of gene expression efficacy // Mol. Biol. (Moscow). 2000. V. 34. №3. P. 345–350. DOI: 10.1007/BF02759664
2. Sokolov V.S., Zuraev B.S., Lashin S.A., Matushkin Yu.G. A web application for automatic prediction of gene translation elongation efficiency. Journal of Integrative Bioinformatics (JIB). 2015. V.12. №1. P. 16-23. doi:10.2390/biecoll-jib-2015-256

Информация об авторах:
Лашин Сергей Александрович, ORCID ID 0000-0003-3138-381X
Иванов Роман Артемович, ORCID ID 0000-0002-4369-356X
Афонников Дмитрий Аркадьевич, ORCID ID 0000-0001-9738-1409
Матушкин Юрий Георгиевич, ORCID ID 0000-0001-7754-8611

DOI: 10.48612/altuhov/2026_05-09

Метилирование промоторов генов систем репарации ДНК и метаболизма ксенобиотиков у работников угольных теплоэлектростанций

Марущак А.В.[1]*, Минина В.И.[1,2]**

[1]*Федеральный исследовательский центр угля и углехимии СО РАН, Кемерово, Россия*

[2]*Кемеровский государственный университет, Кемерово, Россия*

*e-mail: * Marushchak.av@mail.ru, ** vminina@mail.ru*

Methylation of promoters of genes involved in DNA repair and xenobiotic metabolism systems in workers of coal-fired thermal power plants

Marushchak A.V.[1]*, Minina V.I.[1,2]**

[1]*The Federal Research Center of Coal and Coal Chemistry of Siberian Branch of the Russian Academy of Sciences, Kemerovo, Russia*

[2]*Kemerovo State University, Kemerovo, Russia*

*e-mail: * Marushchak.av@mail.ru, ** vminina@mail.ru*

Резюме. В работе впервые у работников угольных теплоэлектростанций (n=445) охарактеризован статус метилирования промоторов генов репарации ДНК (*XRCC1*, *XRCC2*, *XRCC3*, *ERCC2*, *ERCC5*) и биотрансформации ксенобиотиков (*GSTP1*, *GSTT1*, *CYP1A1*) в сравнении с контрольной группой (n=491). Установлено, что профессиональная экспозиция ассоциирована с гиперметилированием всех изученных промоторов (p<0,000001), которое нарастает при стаже более 20 лет и максимально выражено у работников топливно-транспортного, химического цехов и цеха тепловой автоматики и измерений. Пол, возраст, курение и хронические заболевания значимого влияния на профиль метилирования не оказывали.

Ключевые слова: Метилирование, промотор, работники, угольные теплоэлектростанции

Abstract. In this study, we characterized for the first time the methylation status of promoters of DNA repair genes (*XRCC1*, *XRCC2*, *XRCC3*, *ERCC2*, *ERCC5*) and xenobiotic biotransformation genes (*GSTP1*, *GSTT1*, *CYP1A1*) in workers at coal-fired thermal power plants (n=445) compared to a control group (n=491). Occupational exposure was found to be associated with hypermethylation of all studied promoters (p<0.000001), which increases with more than 20 years of experience and is most pronounced in workers in the fuel and transport, chemical, and thermal automation and measurement shops. Gender, age, smoking, and chronic diseases did not significantly affect the methylation profile.

Keywords: Methylation, promoter, workers, coal thermal power plants

Работа угольных теплоэлектростанций (ТЭС) сопровождается присутствием в воздухе рабочей зоны угольной пыли, золы, тяжёлых металлов, бензола, полициклических ароматических углеводородов (ПАУ), радона и продуктов его распада [1-3]. Многочисленные исследования демонстрируют высокую генотоксическую опасность такой среды для персонала [4-8].

В связи с этим целью работы стало определение статуса метилирования промоторных регионов генов систем репарации ДНК (*XRCC1*, *XRCC2*, *XRCC3*, *ERCC2*, *ERCC5*) и метаболизма ксенобиотиков (*GSTP1*, *GSTT1*, *CYP1A1*) у работников угольных теплоэлектростанций.

Исследование выполнено по дизайну «случай – контроль» в соответствии с Хельсинкской декларацией; протокол одобрен локальным этическим комитетом ФИЦ УУХ СО РАН (г. Кемерово). Все участники подписали добровольное информированное

согласие. В исследовании приняли участие 445 работников угольных теплоэлектростанций г. Кемерово (мужчины – 347, женщины – 98); средний возраст 51,6±0,4 года; средний стаж 21,8±0,5 года, рабочие цехов: топливно-транспортный (201), тепловой автоматики и измерений (73), электрический (65), административно-управленческий персонал (38), химический (36), ремонтно-строительный (32). Курящих – 167 человек. У 118 работников имелись хронические неинфекционные заболевания (преимущественно сердечно-сосудистые, пищеварительной и костно-мышечной систем). Группу сравнения составил 491 не связанный с производством житель той же местности, являющийся действующим донором станции переливания крови (мужчины – 352, женщины – 139; средний возраст 47,7±0,5 года; курящих – 163).

Материалом исследования послужила цельная периферическая венозная кровь. Выделение ДНК проводилось фенол-хлороформным методом. Статус метилирования промоторных областей определялся с помощью метил-специфической полимеразной цепной реакции (МС-ПЦР) с электрофоретической детекцией результатов в 3% агарозном геле с предварительной обработкой образцов ДНК бисульфитом натрия. Достоверность полуколичественного подхода подтверждена полногеномным бисульфитным секвенированием. Пять случайных образцов ДНК работников секвенировались на платформе NovaSeq 6000 (Illumina) с глубиной ≥30× в лаборатории Центра генетики и репродуктивной медицины «Генетико» (Москва, Россия), Данные анализировали с помощью программного пакета Bismark. Получен почти идеальный уровень согласия (взвешенная каппа Коэна): κ =0,932 (95% ДИ: 0,813-1,000), общий процент совпадения составил 90,0%. Систематического смещения не выявлено (тест Боукера, p >0,05).

У работников ТЭС значительно чаще, чем в контроле, встречается гиперметилированный статус промоторов всех восьми изученных генов (p<0,000001). Особенно выражены различия для генов *GSTP1*, *GSTT1* и *ERCC5*, где частота гиперметилирования среди работников превышала контрольную в 4-5 раз. В контрольной группе, напротив, преобладал деметилированный статус (от 69 до 83% в зависимости от гена). Общий индекс метилирования (GMI), отражающий суммарный уровень метилирования по всем генам, у работников ТЭС был более чем в два раза выше, чем в группе сравнения, причём высокие значения GMI (≥8 баллов из 16 возможных) встречались у 60,3% работников против 14,4% в группе сравнения.

При анализе влияния производственных факторов установлено, что распространённость гиперметилирования нарастает при стаже работы более 20 лет. Для генов *ERCC2*, *XRCC1* и *XRCC3* различия между группами со стажем ≤20 лет и >20 лет были статистически значимы (p<0,02). Порядковый регрессионный анализ подтвердил ассоциацию стажа работы с гиперметилированием *ERCC2* (p=0,0001), а также с метилированием *XRCC1* и *XRCC3* у лиц в возрастной группе до 55 лет. Наиболее значимые ассоциации с производственным цехом выявлены для топливно-транспортного цеха, цеха тепловой автоматики и измерений, ремонтного и химического цехов. Работники этих цехов имели повышенную частоту гиперметилированного и частично метилированного статуса промоторов *ERCC2*, *ERCC5* и *GSTT1* по сравнению с административно-управленческим персоналом и электрическим цехом (p<0,005). Для *GSTP1* гиперметилирование чаще регистрировалось у работников химического и топливно-транспортного цехов (p<0,000001 и p=0,04 соответственно). При этом индивидуальные факторы (пол, возраст, статус курения, наличие хронических заболеваний) не оказывали статистически значимого влияния на профиль метилирования

ни в одной из групп после поправки на множественные сравнения. Отсутствие влияния возраста, пола и курения в данном исследовании может объясняться высокой интенсивностью профессионального воздействия, которое нивелирует вклад индивидуальных факторов.

Впервые у работников угольных ТЭС охарактеризован статус метилирования промоторных областей ключевых генов систем репарации ДНК и биотрансформации ксенобиотиков. Показано, что профессиональная экспозиция ассоциирована с гиперметилированием всех восьми изученных генов, причём этот эффект нарастает при стаже более 20 лет и максимально выражен у работников топливно-транспортного, химического, ремонтного цехов и цеха тепловой автоматики и измерений. Полученные результаты могут быть использованы для разработки программ биомониторинга и персонализированной профилактики у работников угольной энергетики.

Финансирование: в рамках государственного задания по проекту НИР 2026–2028 № госрегистрации 1023032300035-4-3.1.3.

Список литературы

1. Панаиотти Е.А., Суржиков Д.В. Комплексная оценка условий труда и риска для здоровья работающих в основных цехах тепловых электростанций // Бюл. СО РАМН. 2007. № 1(123). С. 56-62.
2. Deng S., Shi Y., Liub Y., Zhang C., Wang X., Cao Q., Li S., Zhang F. Emission characteristics of Cd, Pb and Mn from coal combustion: Field study at coal-fired power plants in China // Fuel Process Technol. 2014. V. 126. P. 469-475. DOI: 10.1016/j.fuproc.2014.05.022
3. Минина В.И., Кулемин Ю.Е., Толочко Т.А., Мейер А.В., Савченко Я.А., Волобаев В.П., Гафаров Н.И., Панев И.Н., Семенихина М.В. Генотоксические эффекты воздействия производственной среды у шахтеров Кузбасса // Медицина труда и промышл. экология. 2015. № 5. С. 4-8.
4. Donbak L., Rencuzogulları E., Yavuz A., Topaktas M. The genotoxic risk of underground coal miners from Turkey // Mutat Res. 2005. V. 588(2). P. 82-87. DOI: 10.1016/j.mrgentox.2005.08.014
5. Celik M., Donbak L., Unal F., Yüzbasioglu D., Aksoy H., Yilmaz S. Cytogenetic damage in workers from a coal-fired power plant // Mutat Res. 2007. V. 627(2). P. 158-163. DOI: 10.1016/j.mrgentox.2006.11.003
6. Espitia-Pérez L., Sosa M.Q., Salcedo-Arteaga S., León-Mejía G., Hoyos-Giraldo L.S., Brango H., Kvitko K., da Silva J., Henriques J.A. Polymorphisms in metabolism and repair genes affects DNA damage caused by open-cast coal mining exposure // Mutat Res Genet Toxicol Environ Mutagen. 2016. V. 808. P. 38-51. DOI: 10.1016/j.mrgentox.2016.08.003
7. Sinitsky M.Y., Minina V.I., Gafarov N.I., Asanov M.A., Larionov A.V., Ponasenko A.V., Volobaev V.P., Druzhinin V.G. Assessment of DNA damage in underground coal miners using the cytokinesis-block micronucleus assay in peripheral blood lymphocytes // Mutagenesis. 2016. V. 31(6). P. 669-675. DOI: 10.1093/mutage/gew038
8. Xi J., Cao Y., Wang Y., You X., Liu W., Wang T., Yin J., Ma J., Wang Z., Wu N., Zhang X., Duan H., Luan Y. PIG-A gene mutation as a mutagenicity biomarker among coke oven workers // Food Chem Toxicol. 2023. V. 178. P. 113872. DOI: 10.1016/j.fct.2023.113872

Информация об авторах:
Марущак Анна Владимировна, ORCID ID 0000-0002-9560-7563
Минина Варвара Ивановна, ORCID ID 0000-0003-3485-9123

DOI: 10.48612/altuhov/2026_05-10

Оценка экологической обстановки акватории озера Байкал с помощью цельноклеточных *lux*-биосенсоров

Матвеева В.О.[1]*, Колобов М.Ю.[2], Манухов И.В.[1]
[1]*Московский физико-технический институт (национальный исследовательский университет), Москва, Россия*
[2]*Московский государственный университет им. М.В. Ломоносова, Москва, Россия*
**e-mail: matveeva.v444@gmail.com*

Assessment of the ecological situation of Lake Baikal using whole-cell *lux*-biosensors

Matveeva V.O.[1]*, Kolobov M.Y.[2], Manukhov I.V.[1]
[1]*Moscow Institute of Physics and Technology, Moscow, Russia*
[2]*Lomonosov Moscow State University, Moscow, Russia*
**e-mail: matveeva.v444@gmail.com*

Резюме. В августе 2025 года был проведен мониторинг экологической обстановки акватории озера Байкал с использованием набора цельноклеточных *lux*-биосенсоров на основе *Bacillus subtilis* и *Escherichia coli.* Ткани байкальских ракообразных, рыб и губок индуцировали люминесценцию биосенсоров, отвечающих на алкилирование ДНК, и биосенсоров, детектирующих SOS-ответ. Полученные данные свидетельствуют о загрязнении воды соответствующими мутагенными веществами.
Ключевые слова: Bacillus subtilis, *Escherichia coli*, люминесценция, биосенсор, экологический мониторинг, алкилирование, SOS-ответ

Abstract. In August 2025, the environmental situation of Lake Baikal was monitored using a set of whole-cell *lux*-biosensors based on *Bacillus subtilis* and *Escherichia coli*. The tissues of Baikal crustaceans, fish, and sponges induced luminescence of the biosensors responding to DNA alkylation and biosensors detecting the SOS response. The data obtained indicate that the water is contaminated with these mutagenic substances.
Keywords: Bacillus subtilis, Escherichia coli, luminescence, biosensor, environmental monitoring, alkylation, SOS response

Цельноклеточные *lux*-биосенсоры — это удобный инструмент для применения в экотоксикологических исследованиях; они представляют собой живые клетки, в геном которых встроен *lux*-оперон из биолюминесцентных организмов, обеспечивающий светимость клеток [1]. В биосенсорах для оценки общей токсичности гены *luxCDABE* находятся под контролем конститутивного промотора. В отсутствие токсичного воздействия такие биосенсоры ярко светятся, а при добавлении в среду соединений, вызывающих гибель клеток, замедление метаболизма и оказывающих иные негативные воздействия на клетки, люминесценция падает. В биосенсорах для оценки специфичной токсичности *lux*-оперон помещен под контроль стресс-индуцируемых промоторов, которые активируются при определенном воздействии. При появлении в среде соединения, специфично индуцирующего транскрипцию с промотора, люминесценция биосенсорных клеток дозозависимо усиливается. С использованием набора биосенсоров можно определить наличие и природу токсичных соединений в исследуемых образцах, а по степени индукции люминесценции — их концентрацию.

В ходе экспедиции в августе 2025 г. с помощью набора цельноклеточных *lux*-биосенсоров был проведен экологический мониторинг акватории озера Байкал. Для оценки интегральной токсичности образцов использовали конститутивные биосенсоры

B. subtilis 168 pYmdA-lux и *E. coli* MG1655 pXen7. Для исследования специфичной токсичности применяли биосенсоры *B. subtilis* 168 pNK-alkA и *E. coli* MG1655 pAlkA-lux, отвечающие на алкилирование ДНК, *B. subtilis* 168 pNK-dinC и *E. coli* MG1655 pColD-lux, реагирующие на SOS-ответ; для контроля функциональности добавляли к ним соединения, индуцирующие люминесценцию: метилметансульфонат (MMS) и митомицин С (MitC), соответственно. В качестве отрицательного контроля к биосенсорам добавляли дистиллированную воду.

Ранее была показана способность амфипод накапливать в тканях соединения, алкилирующие ДНК [2]; основной целью данной работы было проверить наличие этих веществ в бокоплавах озера Байкал. Ракообразных вылавливали из различных точек акватории озера Байкал: пос. Большое Голоустное; р. Ангара, г. Иркутск; г. Байкальск; дельта р. Селенги, территория Кабанского заказника; село Максимиха; г. Северобайкальск (Рисунок). Также измерения проводились с образцами, полученными из тканей губок, рыб и некоторых водных насекомых.

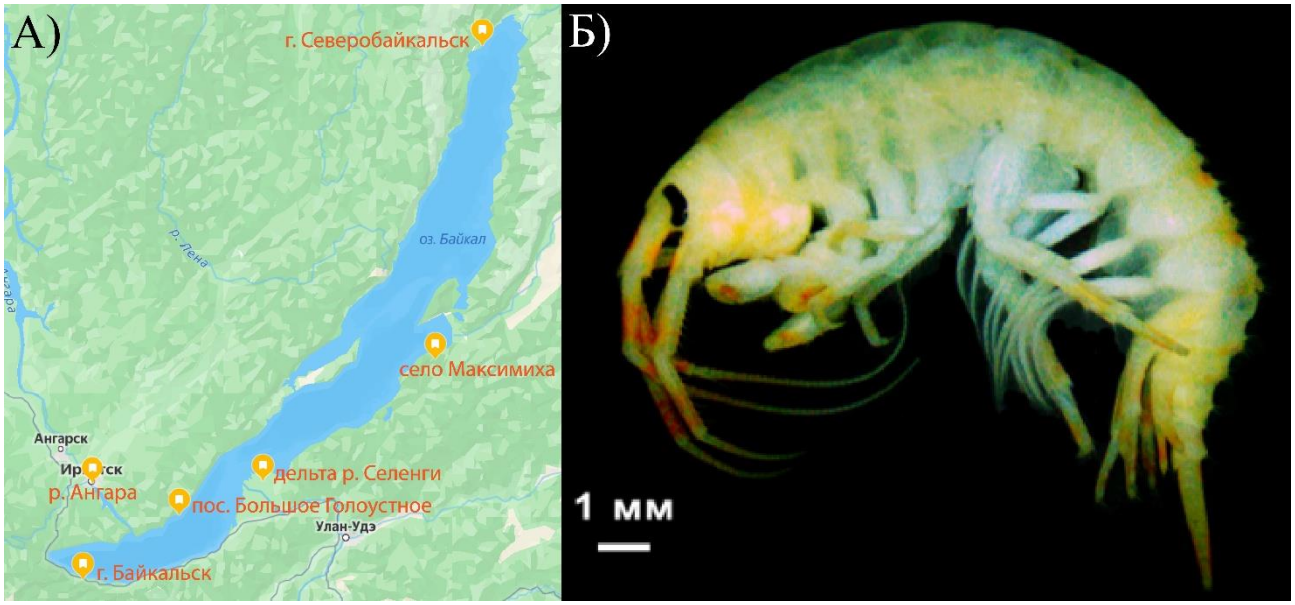


Рисунок – Сбор образцов в акватории озера Байкал. А — карта с обозначенными точками сбора водных организмов, Б — внешний вид представителя амфипод озера Байкал.

Для измерений образцы подготавливали следующим образом: особей по одной или несколько штук (или фрагменты тканей) помещали в центрифужную пробирку, предварительно промакивая салфеткой от лишней влаги. Гомогенизировали с помощью пестика. Центрифугировали 10 мин при максимальных оборотах в настольной центрифуге, чтобы осадить твердые ткани и фрагменты хитина. Надосадочную жидкость использовали для измерений: к биосенсорам добавляли по 5 мкл. Далее измеряли биолюминесценцию в течение нескольких часов.

При добавлении образцов к конститутивным биосенсорам *B. subtilis* 168 pYmdA-lux и *E. coli* MG1655 pXen7 наблюдалось падение люминесценции, связанное только с экранированием сигнала. Кинетика люминесценции клеток с добавлением образцов совпадала с таковой в отрицательном контроле.

Повышение люминесценции клеток *B. subtilis* 168 pNK-alkA наблюдалось в ответ на добавление подавляющего большинства образцов, полученных из морских обитателей озера Байкал. Все бокоплавы (9 образцов), а также губки (4 образца) из пос. Большое Голоустное значительно усиливали люминесценцию клеток. Треть амфипод, выловленных в Байкальске, вызвали высокий отклик (5–10-кратный), а остальные привели

к незначительному усилению светимости биосенсора. Отклик биосенсора также наблюдался в ответ на добавление бокоплавов (4 образца) и даже жировых тканей трех рыб из дельты Селенги. Амфиподы из Максимихи (4 образца), Ангары (22 образца) и Северобайкальска (11 образцов) тоже привели к повышению люминесценции клеток по сравнению с отрицательным контролем. Во всех экспериментах биосенсор *B. subtilis* 168 pNK-alkA достоверно активировался при добавлении как 1000 мкМ, так и 100 мкМ MMS. Аналогичный биосенсор, но основанный на грамотрицательных клетках — *E. coli* MG1655 pAlkA-lux — обладает более низкой чувствительностью к алкилирующим соединениям, в связи с чем его отклик был слабее. Индукция более, чем в 2 раза, наблюдалась в 9 % образцов, в остальных случаях коэффициент индукции люминесценции был незначителен. Наиболее интенсивный отклик был зафиксирован при добавлении жировой ткани сома: люминесценция клеток выросла в 4,5 раза. Во всех экспериментах биосенсор индуцировался в ответ на 1000 мкМ MMS, на более низкую концентрацию — 100 мкМ MMS — срабатывал не всегда.

При измерении люминесценции биосенсоров, детектирующих SOS-ответ, отклик биосенсоров наблюдался при добавлении 3 из 4 образцов губок, 3 из 4 образцов тканей рыб (самая интенсивная индукция — жировой тканью сома) и некоторых бокоплавов.

Результаты измерений свидетельствуют о наличии веществ, алкилирующих ДНК, в тканях амфипод, губок и рыб, обитающих в акватории озера Байкал, причем наибольшее их содержание зафиксировано в ракообразных, выловленных в пос. Большое Голоустное. Кроме того, в тканях водных обитателей также содержатся соединения, значительно повреждающие ДНК. Полученные данные наталкивают на предположение о загрязнении водосборного бассейна озера Байкал мутагенными соединениями. Необходимо ежегодно проводить экологический мониторинг и отслеживать динамику.

Список литературы

1. Bazhenov S.V. [et al.]. Bacterial *lux*-biosensors: Constructing, applications, and prospects // Biosensors and Bioelectronics: X. 2023. (13). P. 100323.
2. Novoyatlova U.S. [et al.]. The Assessment of Methyl Methanesulfonate Absorption by Amphipods from the Environment Using Lux-Biosensors // Biosensors. 2024. № 9 (14). P. 427.

Информация об авторах:
Матвеева Валерия Олеговна, ORCID ID 0000-0003-2250-4296
Колобов Михаил Юрьевич, ORCID ID 0000-0001-8762-1624
Манухов Илья Владимирович, ORCID ID 0000-0001-8646-7207

DOI: 10.48612/altuhov/2026_05-11

Флуоресцентные линии нематоды *Caenorhabditis elegans* как тест-системы в генотоксикологических исследованиях

Смирнова С.В.*, Зубов М.С., Абилев С.К.
Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова РАН, Москва, Россия
**e-mail: s.v.smirnova.genet@gmail.com*

Fluorescent lines of *Caenorhabditis elegans* nematodes as test systems in genotoxicological studies

Smirnova S.V.*, Zubov M.S., Abilev S.K.
***Vavilov Institute of General Genetics Russian Academy of Sciences, Moscow,** Russia*
**e-mail: s.v.smirnova.genet@gmail.com*

Резюме. Нематода *C. elegans* является перспективным объектом в эколого-токсикологических и генотоксикологических исследованиях, благодаря простоте её культивирования в лабораторных условиях, небольшим размерам и наличию системы биотрансформации химических соединений, аналогичной системе млекопитающих. Внедрение в практику тестирования агентов, имеющих потенциальные генотоксические свойства, тест-систем на основе нематоды *C. elegans* позволяет реализовать руководящие принципы 3R для гуманного обращения с лабораторными животными. В данной работе флуоресцентные штаммы *C. elegans* ENL68(daf-16p::GFP), CF1553(sod-3p::GFP), CL2166(gst-4p::GFP) апробированы в качестве биосенсорных тест-систем с применением параквата, диоксидина и 4-нитрохинолин-1-оксида, показав значимое дозозависимое повышение флуоресценции в ответ на воздействие генотоксикантов, что указывает на индукцию экспрессии генов *sod-3, gst-4* и *daf-16*.
Ключевые слова: Caenorhabditis elegans, тест-система, флуоресценция, генотоксиканты, паракват, диоксидин, 4-нитрохинолин-1-оксид

Abstract. The nematode *C. elegans* is a promising object in ecotoxicological and genotoxicological studies due to the ease of its cultivation in laboratory conditions, small size, and the presence of a system for the biotransformation of chemical compounds similar to the system of mammals. The implementation of test systems based on the nematode *C. elegans* into the practice of testing agents with potential genotoxic properties allows for the implementation of the 3R guidelines for the humane treatment of laboratory animals. In this work, fluorescent *C. elegans* strains ENL68(daf-16p::GFP), CF1553(sod-3p::GFP), CL2166(gst-4p::GFP) were tested as biosensor test systems using paraquat, dioxidine and 4-nitroquinoline-1-oxide, showing a significant dose-dependent increase in fluorescence in response to genotoxicants, which indicates the induction of expression of the *sod-3*, *gst-4* and *daf-16* genes.
Keywords: Caenorhabditis elegans, test system, fluorescence, genotoxicants, paraquat, dioxidine, 4-nitroquinoline-1-oxide

Для прогностического анализа воздействия на организм соединений, имеющих потенциальные генотоксические свойства, разработано более 200 тест-систем, из которых только около 20 методик хорошо верифицированы и нашли широкое применение. В число таких методов входит учет обратных генных мутаций у бактериальных культур (тест Эймса), метод ДНК-комет, тесты на наличие хромосомных аберраций и микроядер в клеточных образцах, полученных у грызунов, анализ генных мутаций в клеточных культурах *in vitro* и др. [1]. Широкие возможности для детекции агентов с различным механизмом повреждающего действия имеют lux-биосенсоры, рекомбинантные штаммы *Escherichia coli*, содержащие гибридные плазмиды с lux-опероном почвенной люминесцирующей бактерии *Photorhabdus luminescens*, поставленным под контроль промоторов индуцибельных генов. Такие тест-системы позволяют детектировать ответ на окислительный стресс при накоплении пероксидов или супероксид-анион радикалов, детектировать ДНК-тропные агенты и алкилирующие вещества [2], а также агенты, повреждающие структуру белков, вызывающие агрегацию или нарушение фолдинга *de novo* синтезируемых белков [3].

Однако данные, полученные методами тестирования с применением отдельных клеточных культур, особенно прокариотических клеток, имеют ограничения трансляции результатов на многоклеточный эукариотический организм, включая человека. В связи с этим, актуально использование в батарее тестов для оценки генотоксичности веществ тест-систем на основе нематоды *Caenorhabditis elegans.* Данный вид нематоды хорошо изучен и имеет целый ряд преимуществ применения в качестве модельного объекта.

Для нематоды *C. elegans,* имеющей небольшой размер (около 1 мм), прозрачную кутикулу, короткий жизненный цикл (3 дня) и большую репродуктивную способность, показана высокая степень гомологии генов и консервативность 12 из 17 известных сигнальных путей с человеком. Кроме того, *C. elegans* обладает системой биотрансформации химических соединений, аналогичной системе млекопитающих, что позволяет предложить использовать её в качестве альтернативы животных моделей в эколого-токсикологических и генотоксикологических исследованиях, обеспечивая тем самым следование принципам 3R (Replacement - Reduction - Refinement) для гуманизации экспериментов на животных путем применения тест-систем более низкого филогенетического уровня [4].

В рамках настоящей работы апробированы 3 флуоресцентных штамма *C. elegans* CF1553(sod-3p::GFP), CL2166(gst-4p::GFP), ENL68(daf-16p::GFP), в которых ген зеленого флуоресцентного белка GFP поставлен под контроль промоторов индуцибельных генов, кодирующих ферменты супероксиддисмутазу и глутатион-S-трансферазу, а также транскрипционный фактор DAF-16, регулирующий широкий спектр стресс-индуцируемых ответов, включая окислительный стресс и тепловой шок. В качестве индукторов флуоресценции использовались генотоксиканты, вызывающие окислительный стресс: паракват, диоксидин и 4-нитрохинолин-1-оксид (4-НХО).

Нематод *C. elegans* стадии L4 («young adult»), культивированных и синхронизированных по протоколу, описанному ранее [4], смывали с поверхности агара фосфатно-солевым буфером (PBS), промывая в PBS до полной прозрачности среды. Далее нематод в 20 мкл PBS переносили в 96-луночный планшет, подсчитывая их количество на лунку. Также в каждую лунку раскапывали по 160 мкл S-среды (2,92 г NaCl, 0,5 г K_2HPO_4, 3 г KH_2PO_4 на 500 мл H_2O), 20 мкл генотоксиканта или, в качестве отрицательного контроля, - 20 мкл стерильной воды. Для оценки фонового сигнала в каждом эксперименте оставляли ряд лунок с идентичным наполнением без нематод, но с соответствующим объемом PBS. В случае 4-НХО дополнительно оставляли 4 ряда лунок без нематод с добавлением соответствующих концентраций данного соединения для учета влияния окраски раствора. Планшеты инкубировали при 21 °C в течение 2 часов с последующим измерением общей флуоресценции каждой лунки на спектрофлуориметре Synergy H1 Multi-Mode Microplate Reader, BioTek Instruments (США) при параметрах поглощения и эмиссии 395 и 498 нм, соответственно. Данные флуоресценции пересчитывали с учетом фоновой флуоресценции лунок без нематод и количества особей *C. elegans* в лунке планшета. Кратность превышения (Таблица) рассчитывалась, как отношение показателя средней флуоресценции единичной нематоды, обработанной генотоксикантом, к средней флуоресценции единичной особи в отрицательном контроле.

Паракват в исследуемых концентрациях индуцировал значимое увеличение уровня флуоресценция каждого штамма с линейной дозовой зависимостью, показав максимальных эффект на линии нематод CF1553(sod-3p::GFP), превысив уровень флуоресценции отрицательного контроля в 56,5 раз. Штамм CL2166(gst-4p::GFP) был менее чувствителен к параквату, продемонстрировав значимое изменение уровня флуоресценции при большей концентрации, чем остальные штаммы, максимальная же кратность превышения спонтанной флуоресценции у него составила 29,5 раз.

Генотоксикант диоксидин, способствующий усилению образования активных форм кислорода в клетке, индуцировал максимальное увеличение флуоресценции штамма ENL68(daf-16p::GFP), превысив спонтанный уровень в 293,4 раза. Амплитуда ответа

нематод линий CF1553(sod-3p::GFP) и CL2166(gst-4p::GFP) была ниже, кратность увеличения флуоресценции при этом составила 55,4 и 77,5 раз, соответственно.

Таблица – Кратность превышения спонтанного уровня флуоресценции штаммов *C. elegans* в ответ на действие генотоксикантов (в скобках указаны концентрации веществ, при которых зафиксированы показатели кратности).

Вещество	Диапазон концентраций, моль/л	*sod-3*p::GFP		*gst-4*p::GFP		*daf-16*p::GFP	
		max*	min	max	min	max	min
Паракват	0,005-0,05	56,5 (0,05)	3,2 (0,005)	29,5 (0,05)	11,2 (0,025)	45,3 (0,05)	7,6 (0,005)
Диоксидин	0,0005-0,005	55,4 (0,005)	2,1 (0,0005)	77,5 (0,005)	3,2 (0,0005)	293,4 (0,005)	40,1 (0,001)
4-НХО	0,00001-0,00032	8,8 (0,00002)	4,9 (0,00001)	6,4 (0,00002)	2,9 (0,00001)	10,4 (0,00002)	3,3 (0,00001)

*Примечания: max – максимальная кратность превышения уровня флуоресценции контроля на исследуемом диапазоне концентраций, min – пороговое превышение уровня флуоресценции ($p<0,01$).

Наименьший эффект индукции флуоресценции у каждого из используемых штаммов *C. elegans* зафиксирован при действии 4-НХО, генотоксиканта смешанного действия, вызывающего образование ДНК-аддуктов, а также окислительный стресс путем повреждения мембраны митохондрий. При этом кривая зависимости флуоресценции от концентрации 4-НХО имела колокообразный вид с точкой перегиба при концентрации 0,00002 моль/л (в отличие от параквата и диоксидина, где наблюдалась линейная зависимость).

Таким образом, индукция флуоресценции штаммов *C. elegans* ENL68(daf-16p::GFP), CF1553(sod-3p::GFP) и CL2166(gst-4p::GFP) зависела как от концентрации, так и от механизма действия прооксидантных агентов, детектируя дифференциальную экспрессию индуцибельных генов *daf-16*, *sod-3, gst-4,* что делает возможным рассмотрение данных линий нематод в качестве биосенсорных тест-систем.

Работа выполнена в рамках исследований по Государственному заданию № 125091010190-9.

Список литературы

1. Абилев С. К., Глазер В. М. Мутагенез с основами генотоксикологии: учебное пособие. М.; СПб.: Нестор-История, 2015. 304 с.
2. Abilev S.K., Igonina E.V., Sviridova D.A., Smirnova S.V. Bacterial Lux Biosensors in Genotoxicological Studies. // Biosensors. 2023. V. 13, 511. DOI: 10.3390/bios13050511
3. Smirnova S.V., Kurkieva A.G., Manukhov I.V. *et al.* The Effect of Pharmacological Agents on the Expression of the Genes of the Chaperone GrpE and Co-Chaperone IbpA in *Escherichia coli* Cells. // Russ J Genet. 2025. V.61. P.1591–1599. DOI: 10.1134/S1022795425701145
4. Abilev S.K., Machigov E.M., Smirnova S.V. *et al.* Nematode *Caenorhabditis elegans* as an Object for Testing the Genotoxicity of Chemical Compounds. // Russ J Genet. 2024. V.60. P.1148–1152. DOI: 10.1134/S1022795424700674

Информация об авторах:
Смирнова Светлана Владимировна, ORCID ID 0000-0002-8286-9345
Зубов Матвей Сергеевич
Абилев Серикбай Каримович, ORCID ID 0000-0001-8636-6828

DOI: 10.48612/altuhov/2026_05-12

Полиорганные цитогенетические исследования действия факторов окружающей среды

Сычева Л.П.*

ГНЦ Федеральный медицинский биофизический центр им. А.И. Бурназяна ФМБА России, Москва, Россия

**e-mail: lpsycheva@mail.ru*

Multiorgan cytogenetic study of environmental factors

Sycheva L.P.*

State Research Center - Burnasyan Federal Medical Biophysical Center of Federal Medical Biological Agency, Moscow, Russia

**e-mail: lpsycheva@mail.ru*

Резюме. Обобщены данные более 20 экспериментов по полиорганной оценке химических соединений и наноматериалов. Обоснована необходимость расширения спектра органов при оценке мутагенного действия этих факторов при их регламентировании. Представлены новый метод оценки цитогенетического эффекта факторов в семенниках при фиксации органа в формалине и неинвазивный метод на ректальных эпителиоцитах крыс.

Ключевые слова: полиорганный микроядерный тест, цитогенетический эффект, мутагены, тестирование химических соединений, семенники, ректальные эпителиоциты

Abstract. Data from over 20 experiments on multiorgan evaluation of chemical compounds and nanomaterials are summarized. The need to expand the range of organs when assessing the mutagenic effects of these factors during their regulation is substantiated. A new method for assessing the cytogenetic effect of factors in the testes after organ fixation in formalin and a non-invasive method using rat rectal epithelial cells are presented.

Keywords: Multiorgan micronucleus test, cytogenetic effect, mutagens, testing of chemicals, testes, rectal epithelial cells

Несмотря на существующую систему гигиенических мер, направленных на предотвращение негативного влияния факторов окружающей среды на организм человека, отмечается повсеместный рост онкопатологии, что указывает на необходимость совершенствования этой системы. Регламентирование факторов окружающей среды предусматривает изучение их генотоксических эффектов [1]. Отечественный и международный подход включает обязательную оценку генных мутаций в тесте Эймса, и учет хромосомных аберраций или микроядер *in vitro*, а также *in vivo* в клетках костного мозга млекопитающих (лабораторных мышей или крыс). Причем в связи с накопленными доказательствами взаимосвязи и корреляции генотоксических и канцерогенных эффектов последние два теста *in vivo* применяют как краткосрочные тесты оценки канцерогенных свойств исследуемых факторов, заменяя трудоемкий, длительный и дорогостоящий тест на канцерогенность. Однако при этом предусмотрено изучение мутагенного эффекта только в клетках костного мозга, тогда как изучение органной специфичности действия мутагенов/канцерогенов [2-4] указывают на необходимость проведения полиорганных исследований генотоксичности. Расширенные полиорганные исследования необходимы, чтобы не пропустить мутагены, а также более точно определить их минимально-действующую дозу и дозовую зависимость.

В России вопрос полиорганной оценки генотоксикантов начали решать в лаборатории генетической токсикологии НИИ экологии человека и гигиены окружающей среды им. А.Н. Сысина под руководством профессора В.С. Журкова. Данные этих исследований обобщены в монографии [2], которая включала обзоры методов и результатов оценки органной специфичности факторов в экспериментальных исследованиях и при обследовании людей. К тому времени были разработаны микроядерные тесты [5] и получены результаты исследования эритроцитов крови, клеток органов желудочно-кишечного тракта, гепатоцитов, органов дыхательной и выделительной систем лабораторных животных. Созданный набор методов позволил выбирать необходимые методы для решения той или иной задачи.

Например, при ингаляционном поступлении ксенобиотиков необходимо оценивать клетки легких, при поступлении мутагенов прямого действия через желудочно-кишечный тракт желательно изучать мутагенный эффект в клетках преджелудка и желудка. Можно предположить, что эффект мутагенов непрямого действия будет выше в клетках печени, а тех веществ, которые метаболизируются бактериями кишечника, - в эпителиоцитах кишки. Эффект веществ, генотоксичные метаболиты которых выводятся через почки, желательно изучать в клетках мочевого пузыря.

Схема постановки микроядерного теста предполагает учитывать время обновления, которое отличатся у гемопоэтических клеток, эпителиальных клеток разных отделов желудочно-кишечного тракта, легких, печени, мочевого пузыря. Она включает следующие этапы: фиксация ткани, получение суспензии клеток, приготовление мазков клеток для микроскопического анализа, дополнительная фиксация мазков, окрашивание клеток, микроскопический анализ 1000/2000 изолированных клеток с масляной иммерсией при использовании объектива х100. В зависимости от задач исследования разработаны варианты полиорганного микроядерного теста путем фиксации органов в формалине или приготовлении препаратов ex tempore. В первом случае все необходимые органы фиксируют в 10% нейтральном формалине не менее двух недель. Затем можно постепенно готовить препараты и анализировать клетки того или иного органа. При необходимости анализировать гепатоциты, которые практически не делятся, предварительно проводят частичную гепатоэктомию, используют препараты-стимуляторы митоза или проводят исследования на мышах-отъемышах. После фиксации (время фиксации для каждого органа варьирует) изолированные клетки органа получают с помощью щелочной диссоциации 50% раствором КОН. Для окраски хроматина мы используем специфичный краситель 2% ацетоорсеин, который окрашивает хроматин более ярко по сравнению с реакцией Фельгена. Цитоплазму докрашиваем 1% раствором светлого зеленого.

Подготовка препаратов ex tempore применяется в стандартном методе на клетках костного мозга. Также можно готовить препараты гепатоцитов и клеток семенников. Однако нам удалось разработать метод получения препаратов семенников после их фиксации в формалине, что более удобно при полиорганном исследовании [6]. Еще одной нашей разработкой стал неинвазивный анализ клеток крыс. Нам не удалось получить буккальные эпителиоциты крыс, как это возможно при обследовании людей. Однако такими клетками стали ректальные эпителиоциты, которые можно собирать под наркозом неоднократно [7]. Это позволяет оценить эффекты факторов в разные временные периоды.

Органная специфичность 9 химических соединений и 5 наноматериалов исследована на мышах и 9 химических соединений на крысах, причем, в 15 экспериментах эффект определяли в 5-7 органах. Он не был выявлен ни в одном из органов в экспериментах на

мышах при действии бензамида и диоксида титана в наноформе, а также в экспериментах на крысах при действии диоксида азота, диоксазида и метиленового голубого. Важные данные получены при тестировании 1,2-дибромпропана, 1,1,3 трибромпропана, 1,2-диметилгидразина, нитрозодиэтиламина. Эти вещества не индуцировали цитогенетический эффект в стандартном методе учета микроядер в полихроматофильных эритроцитах костного мозга ни у мышей, ни и у крыс, тогда как в других органах эффект был выявлен. То же отмечено для бенз(а)пирена, сульфата серебра, наносеребра, угля «Флотосорб», многослойных углеродных нанотрубок в экспериментах на мышах или 1,2-дибром-3-хлорпропана и фотоактивированного метиленового голубого в опытах на крысах. Из представленного массива соединений только циклофосфамид, диоксид титана в микроформе и 1,2-дибром-3-хлорпропан в экспериментах на мышах были эффективны в костном мозге. Причем эффект последнего в гепатоцитах был в 3 раза выше, чем в клетках костного мозга. Это еще раз подчеркивает необходимость расширения спектра органов для оценки цитогенетического действия химических соединений при их нормировании.

Список литературы

1. Оценка токсичности и опасности химических веществ и их смесей для здоровья человека: руководство. 2014. М.: Федеральный центр гигиены и эпидемиологии Роспотребнадзора. 639 с.
2. Полиорганный микроядерный тест в эколого-гигиенических исследованиях. М.: Гениус. 2007. 312 с.
3. Morita T., MacGregor J.T., Hayashi M. Micronucleus assays in rodent tissues other than bone marrow.// Mutagenesis. 2011. V. 26. P. 223-230. DOI: 10.1093/mutage/geq066
4. Zeller A., Pfuhler S., Albertini S. et al. A critical appraisal of the sensitivity of in vivo genotoxicity assays in detecting human carcinogens. // Mutagenesis. 2018. V.33. N2. P.179-193. DOI: 10.1093/mutage/gey005
5. Оценка мутагенной активности факторов окружающей среды в клетках разных органов млекопитающих микроядерным методом. Методические рекомендации, утв. Председателем Научного совета РФ по экологии человека и гигиене окружающей среды акад. РАМН Ю.А. Рахманиным. М. 2001. 21 с.
6. Сычева Л.П., Зрилова Ю.А., Гурьев Д.В. Микроядерный тест на сперматидах крыс после фиксации семенников в формалине. //Цитология/ Cell and tissue biology. 2026. Т.68, № 1. С. 86—94.
7. Сычева Л.П., Федотов Ю.А., Копалиани Ю.В., Гурьев Д.В.. Новый неинвазивный микроядерный тест на ректальных эпителиоцитах крыс. //Цитология. 2025. Т.67, №3. С. 199—206.

Информация об авторе:
Сычева Людмила Петровна, ORCID ID 0000-0002-7370-0169

DOI: 10.48612/altuhov/2026_05-13

Надо ли защищать поколения от малых доз диоксинов?

Умнова Н.В.[1]*, Лавренов А.Р.[1,2], Мышлявкина Т.А.[1,2], Ким А.И.[2,3], Румак В.С.[1,2]

[1]Центр безопасности биосистем, Институт проблем экологии и эволюции им. А.Н. Северцова РАН, Москва, Россия

[2]Кафедра генетики, Центр безопасности биосистем, биологический факультет, Московский государственный университет им. М.В. Ломоносова, Москва, Россия

[3]Биологический факультет, Университет МГУ–ППИ в Шэньчжэне, Провинция Гуандун, Шэньчжэнь, Китай

**e-mail: unv2014@mail.ru*

Is it necessary to protect generations from dioxins in low doses?

Umnova N.V.[1]*, Lavrenov A.R.[1,2], Myshliavkina T.A.[1,2], Kim A.I.[2,3], Roumak V.S.[1,2]
[1]Center of Biosystems Safety, A.N. Severtsov Institute of Ecology and Evolution, Russian Academy of Sciences, Moscow, Russia
[2]Department of Genetics, Center of Biosystems Safety, Faculty of Biology, Lomonosov Moscow State University, Moscow, Russia
[3]Shenzhen MSU–BIT university, Shenzhen, Guangdong Province, P.R., 518172, China
**e-mail: unv2014@mail.ru*

Резюме. Особенности экологии живых организмов на загрязненных экотоксикантами территории могут способствовать значимому изменению их реактивности. Изучением подлежащих / вероятных механизмов путем регистрации молекулярно-генетических и клеточных эффектов действия диоксинов в нескольких поколениях населения Вьетнама и мелких млекопитающих из природных популяций (на примере *Clethrionomys glareolus*), обитающих на территориях Московского региона, выявлено много сходств. При этом установлено, что у жителей Вьетнама эти реакции были связаны с существенным ростом уровня риска здоровью и развитию. Сходства в проявлении механизмов начального токсического действия диоксинов во взаимосвязи с эффектами их негативного влияния в малых дозах стали основанием для расширения программы работ в области изучения влияния реактивности организма на эти механизмы с акцентом на изучение эпигенетического перепрограммирования в поколениях, рожденных на загрязненных диоксинами территориях.
Ключевые слова: экологическая безопасность, маркерные гены, экспрессия, диоксины, малые дозы, поколения, канцерогенез

Abstract. Ecological characteristics of living organisms in areas contaminated with ecotoxicants can contribute to significant changes in their reactivity. A study of the underlying/probable mechanisms by recording the molecular, genetic, and cellular effects of dioxins in several generations of the Vietnamese population and small mammals from natural populations (using *Clethrionomys (Myodes) glareolus* Schreb 1780 as an example) inhabiting the Moscow region revealed many similarities. Furthermore, it was established that in Vietnamese residents, these reactions were associated with a significant increase in health and developmental risks. These similarities in the mechanisms of the initial toxic effects of dioxins, in conjunction with the negative effects of their exposure at low doses, have led to an expansion of the research program into the influence of the organism's reactivity on these mechanisms, with a special focus on epigenetic reprogramming in generations born in dioxin-contaminated areas.
Keywords: environmental safety, marker genes, expression, dioxins, low doses, generations, carcinogenesis

Одна из важных и все еще нерешенных проблем экологической генетики связана с изучением особенностей течения генетических процессов и влияния на них присущей организмам реактивности при неопределенно долгом хроническом действии малых доз. Особенно актуально это в отношении стойких органических веществ и прежде всего диоксинов, т.к. присущие этим веществам ярко выраженная способность к биоаккумуляции и сверхкумуляции во взаимосвязи с низким уровнем выведения из организма способствуют накоплению в тканях токсических уровней при поглощении из окружающей среды даже малых доз. При этом часть этих веществ может передаваться потомству через плаценту и вместе с грудным молоком [1, 2]. Последствия действия диоксинов на активно развивающиеся ткани сменяющих друг друга поколений населения в период внутриутробного развития и грудного вскармливания при одновременном поглощении этих веществ из окружающей среды могут определять возможность проявления множества особенностей во взаимовлиянии генетических и экологических

процессов, способствующих увеличению риска появления у населения трудно излечимых форм экологозависимой патологии при допустимых уровнях содержания этих веществ в объектах окружающей среды и продуктах питания.

Наши многолетние исследования медико-биологических последствий химической агрессии армии США во Вьетнаме выявили на загрязненных территориях проявления (условия для формирования) диоксиновой патологии у взрослых и детей, свидетельствуя о важности предотвращения и минимизации негативных последствий действия малых доз диоксинов [1]. Начатые в 2014 г. исследования в Российской Федерации - вблизи полигонов твердых промышленных и бытовых отходов (ТПБО, как источников выбросов диоксинов) - продемонстрировали не только накопление диоксинов в поколениях мелких млекопитающих (на примере рыжей полевки *Clethrionomys (Myodes) glareolus* Schreb 1780) [3, 4], но и влияние этих веществ на стабильность генома и его функциональные реакции в нескольких дочерних поколениях. Аналогичные проявления мы видели у детей во Вьетнаме [1, 5].

Эти факты и наблюдения позволили выдвинуть гипотезу о формировании в организме обитателей загрязненных территорий условий для запуска на уровне молекулярно-генетических систем процессов адаптации/дезадаптации к проявлениям токсичности диоксинов путем закрепления определенных генетических паттернов экспрессии генов, в основе которых лежат механизмы эпигенетического контроля процессов метаболизма, окислительного стресса и канцерогенеза.

Современные исследования все больше сосредоточены на изучении взаимовлияния присущей индивидуумам реактивности и токсичностью диоксинов путем изучения проявлений иммунотоксичности этих веществ, особенно на вовлеченности запускающих начальные токсические реакции белков (прежде всего AHR) в механизмы становления и поддержания гомеостаза иммунных клеток [6], а также в индукцию и/или изменение множества сигнальных путей всего каскада ответных реакций на ксенобиотики, при проявлениях воспалительных реакций, инфицирования и нарушений репродукции [7]. Более того, появились свидетельства ингибирования диоксинами и диоксиноподобными соединениями активации рецептора эпидермального фактора роста (EGFR) предотвращая последующую передачу его сигналов, что может влиять на процессы синтеза ДНК, миграции клеток, развития и новообразования [8].

Таким образом, вероятность клинической значимости найденных нами на уровне регуляции транскрипции маркерных генов изменений требует дальнейшего их исследования, т.к. они способны разнонаправленно и трансгенерационно влиять на реактивность организма при действии даже естественных для жизни факторов.

Список литературы

1. Окружающая среда и здоровье человека в загрязненных диоксинами регионах Вьетнама. Под ред. В.С. Румака. М.: Тов. научных изданий КМК, 2011, 271 с.
2. Софронов Г.А., Рембовский В.Р., Радилов А.С., Могиленкова Л.А. Современные взгляды на механизмы токсического действия диоксинов и их санитарно-гигиеническое нормирование // Мед. академ. журнал. 2019. Т. 19. №1. С. 17–28. https://doi.org/10.17816/MAJ19117-28
3. Румак В.С., Умнова Н.В., Левенкова Е.С., Турбабина К.А., Пивоваров Е.А., Шелепчиков А.А. Диоксины в среде и организме животных вблизи полигона отходов производства и потребления: к методологии оценки риска для здоровья населения // Экология человека. 2017. № 10. С.9–15.
4. Лавренов А. Р., Мышлявкина Т. А., Умнова Н. В., Ким А. И., Румак В. С. Особенности экспрессии маркерных генов рыжей полевки *Clethrionomys glareolus*, отражающие эффекты экотоксичности загрязненной диоксинами среды // Вестн. Моск. Ун-та. Сер. 16. Биология / Lomonosov Biology Journal. 2023. Т. 78. № 2. С. 86–94.
5. Жученко Н.А., Умнова Н.В., Румак В.С., Ревазова Ю.А., Сидорова И.Е., Хрипач Л.В., Лазаренко

Д.Ю., Софронов Г.А. Врожденные морфогенетические варианты и генетический полиморфизм системы детоксикации ксенобиотиков у детей из загрязненных диоксинами районов в южном Вьетнаме. Вестник РАМН. 2006; 7: 3–10.
6. Li H., Fan Y., Liu J., Dong S., Wen B., Zhang Y., Wang X., Duan X., Hu Y., Yan Z., Shang H., Jing Y. Aryl Hydrocarbon Receptor in Health and Disease // MedComm (2020). 2025. T. 6. № 11. e70426. doi: 10.1002/mco2.70426. PMID: 41112724
7. Stephens V.R., Horner K.B., Avila W.M., Spicer S.K., Chinni R., Bernabe E.B., Hinton A.O. Jr, Damo S.M., Eastman A.J., McCallister M.M., Osteen K.G., Gaddy J.A. The impact of persistent organic pollutants on fertility: exposure to the environmental toxicant 2,3,7,8-tetrachlorodibenzo-p-dioxin alters reproductive tract immune responses // Front Immunol. 2024. T. 15. 1497405. doi: 10.3389/fimmu.2024.1497405
8. Sondermann N.C., Vogel C.F.A., Haarmann-Stemmann T. Dioxins do not only bind to AHR but also team up with EGFR at the cell-surface: a novel mode of action of toxicological relevance? // EXCLI J. 2025. T. 24. C. 184–197. doi: 10.17179/excli2024-8038

Информация об авторах:
Умнова Наталия Владимировна ORCID ID 0000-0002-1615-2194
Лавренов Антон Русланович ORCID ID 0000-0002-7318-8046
Мышлявкина Татьяна Алексеевна ORCID ID 0009-0006-5088-2322
Ким Александр Иннокентьевич ORCID ID 0000-0003-0398-8694
Румак Владимир Степанович ORCID ID 0000-0002-6645-8677

DOI: 10.48612/altuhov/2026_05-14

Моделирование генетической дивергенции в системе популяций на кольцевом ареале: роль дизруптивного отбора, локального и глобального потока генов

Фрисман Е.Я., Кулаков М.П.*
Институт комплексного анализа региональных проблем ДВО РАН, Биробиджан, Россия
**e-mail: k_matvey@mail.ru*

Modeling genetic divergence in a ring-range population system: the role of disruptive selection, local and global gene flow

Frisman E.Ya., Kulakov M.P.*
Institute for complex analysis of regional problems of the Russian Academy of Sciences, Far Eastern branch, Birobidzhan, Russia
**e-mail: k_matvey@mail.ru*

Резюме. Развивается подход к теоретическому исследованию генетической дивергенции в системе миграционно связанных популяций с кольцевым ареалом. Было показано, что репродуктивная изоляция между соседними популяциями может сформироваться исключительно за счёт внутренних биологических механизмов: наследственности, дрейфа генов, потока генов и отбора против гибридов. Этот результат был апробирован на данных из классического экспериментов Ю.П. Алтухова с системой из 30 связанных ящиков, заселенных плодовыми мушками (*Drosophila melanogaster*).
Ключевые слова: пространственно-временная динамика, миграция, эволюция, генетическая дивергенция, дизруптивный отбор, зоны гибридизации

Abstract. We develop an approach to the theoretical study of genetic divergence in a system of populations coupled by migration in a ring-shaped range. We show that reproductive isolation between adjacent populations can arise solely through intrinsic biological mechanisms: heredity, genetic drift, gene flow, and selection against hybrids. This result was verified using data from Yu.P. Altukhov's classic experiments, which employed a system of 30 connected boxes populated by fruit flies (*Drosophila melanogaster*).

Keywords: spatiotemporal dynamics, migration, evolution, genetic divergence, disruptive selection, hybrid zones

В природных и экспериментальных популяциях животных нередко наблюдается пространственная дифференциация признаков (дивергенция) без явных географических преград, которые ограничивают перемещение особей и затрудняют обмен генами между смежными популяциями. Существует множество примеров (большая и восточная синицы, чёрная и серая вороны и др.) с чёткой дивергенцией признаков, резкими переходами от одних форм к другим, но с сохранением возможности гибридизации. Первопричины дивергенции могут быть различными, например, на одних участках или в определенных экологических нишах наибольший успех имеют одни признаки, а на других – иные. Однако теоретические исследования показывают, что поддерживать его длительное время способен лишь дизруптивный тип отбора. Такой механизм хорошо согласуется с гипотезой об особой роли гибридного потомства от родителей с разными признаками [1]. Согласно которой присутствие на определенной территории небольшого числа гибридов, обладающих пониженной индивидуальной приспособленностью (из-за низкой выживаемости, сниженной фертильности или положительной ассортативности спаривания), способствуют репродуктивной, а затем и географической изоляции.

Для изучения данного феномена была разработана математическая модель, которая описывает динамику трех частот q_{AA}, q_{Aa} и q_{aa} (генотипов *AA*, *Aa* и *aa*) и общую численность $N^{(i)}$ (i=1,2,3,…n=30) [3]. Каждый из генотипов имеет приспособленности $1+s_k$ (k=1,2,3), оценки которых выделены на Рисунке (*a*). При описании динамики численности учитывается действие плотностно-зависимых факторов, а также эффект Олли. Для описания миграции и потока генов используется матрица миграции M со случайными коэффициентами $m_{i,j}$~Exp[m] (m/2 – среднее значение коэффициента миграции). На Рисунке (*a*) показан результат верификации модели, демонстрирующий неплохое соответствие модельного и реального распределения частот аллеля *A* локуса *α-Gdph* и его динамики в экспериментах Ю.П. Алтухова [2], а также значения стандартной ошибки *SE* и коэффициента детерминации R^2.

В результате было показано, что наблюдаемая в эксперименте дивергенция по гену *α-Gdph* возникает именно благодаря пониженной приспособленности гибридов (s_1>s_2, s_3>s_2), а зоны гибридизации тормозят встречные потоки особей с разным аллельным составом и позволяют субпопуляциям впоследствии эволюционировать независимо [3]. Механизм изоляции на основе гена *α-Gdph* в этом случае выглядел следующим образом. В разных ящиках преимущественно закреплялся один из двух вариантов этого гена. Из-за миграции и отсутствия избирательности при спаривании в некоторых ящиках регулярно появлялись гибриды – потомки особей с разными вариантами *α-Gdph*. Однако гибриды обладали пониженной приспособленностью, были менее склонны к расселению и успешному размножению. В результате наиболее приспособленные особи (*AA* и *aa*) не могли полностью занять всю экспериментальную кольцевую систему, и их распространение тормозилось из-за постоянного появления менее жизнеспособных гибридов [3].

Анализ устойчивости полученных оценок, а также многократное повторение расчетов (реплик) при вариации параметров отбора позволяет сделать следующий вывод: для возникновения устойчивой дивергенции параметры отбора гомозигот s_1 и s_2 должны превосходить не интенсивность отбора гибридов s_2, а некоторое критическое значение

$s^*>s_2$ (Рисунок, *b*). В противном случае дивергенция возникает только как часть длительного переходного процесса (Рисунок, *c*). Кроме того дивергенция будет сохраняться только тогда, когда между противоположными морфами нет существенной разницы в приспособленностях ($s_1 \approx s_3 \gtrsim s^*$). С ростом разницы между параметрами s_1 и s_3, растет доля реплик $p(L)$, в которых $\langle q\rangle=\langle q_A\rangle(1-\langle q_A\rangle)\to 0$ (т.е. $\langle q_A\rangle\to 0$ или 1) (см. гистограммы на рисунке, *b*), а во всей системе закрепляется наиболее приспособленный генотип (*AA*, если $s_1>s_2$, или *aa*, если $s_3>s_1$).

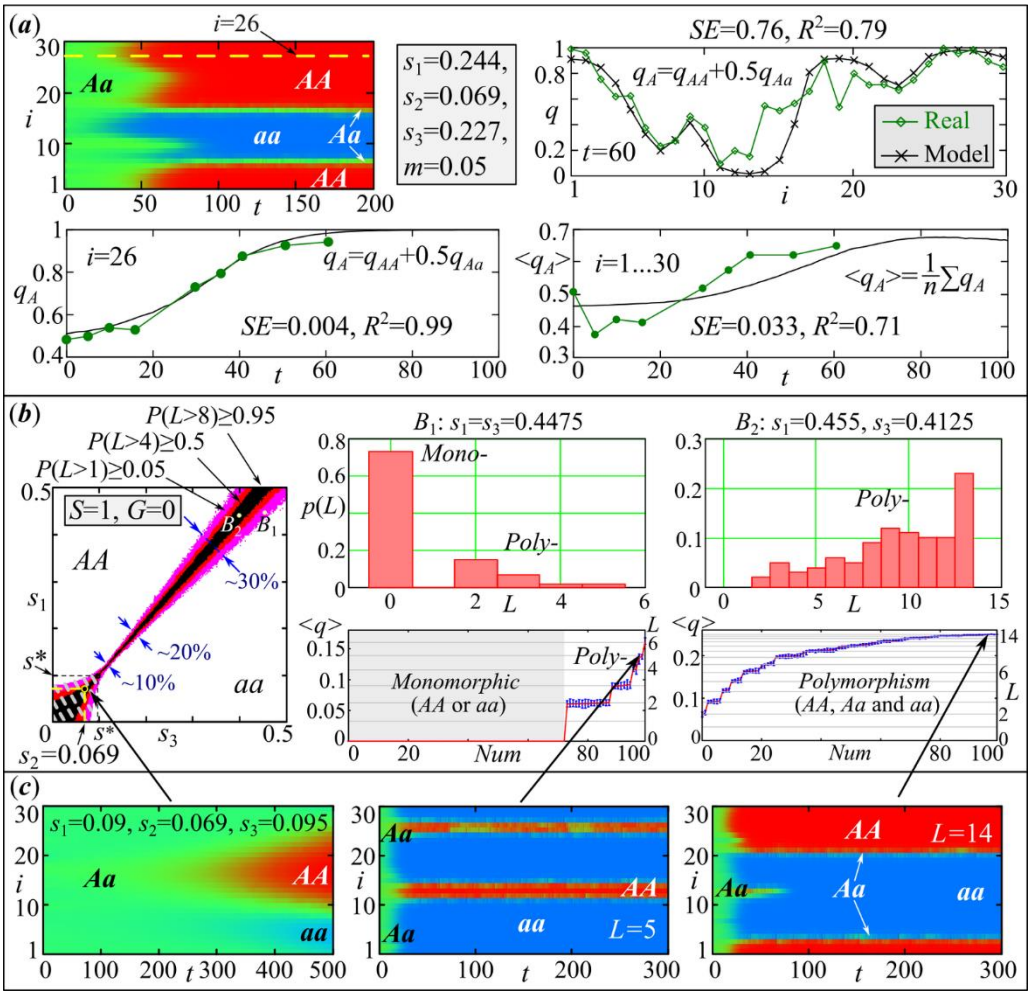


Рисунок – (*a*) Модельная и реальная пространственно-временная динамика частот q_A аллеля *A* локуса *α-Gdph* между 30 связанными субпопуляциями, динамика в одной из них (*i*=26), а также средней для системы частоты аллеля *A*. (*b*) Области параметров отбора, при которых генетическая дивергенция сохраняется длительное время, а также распределения реплик модели по размеру кластеров *L* и величине $\langle q\rangle$. (*c*) Динамика частот с неустойчивой (первый пример) и устойчивой дивергенцией (последние два примера).

На следующем этапе изучались последствия не только локальной связи (*S*=1), при которой за один сезон особи мигрируют на два смежных участка (ящик слева и справа), но и глобальной связи, при которой связаны более удаленные субпопуляции (*G*>0). С одной стороны, с ростом радиуса локальной связи *S* или числа глобальных связей *G* дивергенция возможна лишь для все более малых значений параметра миграции *m*. С другой, появляются реплики, в которых дивергенция формируется, но оказывается нестационарной: размеры кластеров *L* и их расположение меняются во времени. Часто это приводит к закреплению не наиболее приспособленного генотипа *aa*. В случае глобальная связь (быстрой колонизация достаточно удаленных участков) «новый» признак распространятся туда, куда иначе он не смог бы проникнуть, из-за изолирующего действия зон гибридизации. В ряде случаев такой тип миграции эффективнее

поддерживает генетическое разнообразие при невысокой интенсивности миграции по сравнению с ситуацией только локальной связи.

Работа выполнена в рамках государственного задания Института комплексного анализа региональных проблем ДВО РАН (FWUG-2024-0005 / № 125011000074-3).

Список литературы

1. Алтухов Ю.П. Генетические процессы в популяциях. М.: Академкнига, 2003, 431 с.
2. Rubtsov A.S. Computer Simulation Model of a Hybrid Zone: Assortative Mating in the Role of Selection against Hybrids // Biology Bulletin Reviews. 2020. V. 10. No. 3. P. 186–192. DOI: 10.1134/S2079086420030068
3. Kulakov M.P., Zhdanova O.L., Frisman E.Y. Computer modeling of spatial dynamics and primary genetic divergence for a population system in a ring areal // Vavilov Journal of Genetics and Breeding. 2025. V. 29. No. 7. P. 1109–1121. DOI: 10.18699/vjgb-25-115

Информация об авторах:
Фрисман Ефим Яковлевич, ORCID ID 0000-0003-1629-2610
Кулаков Матвей Павлович, ORCID ID 0000-0002-7060-2731

DOI: 10.48612/altuhov/2026_05-15

ДНК-транспозоны суперсемейства Tc1/*mariner* в транскриптомах *Coregonus baicalensis* при температурном стрессе

Черезова В.М.*, Сидорова Т.В., Сапожникова Ю.П., Королева А.Г.,
Потапов С.А., Суханова Л.В.
Лимнологический институт СО РАН, Иркутск, Россия
**e-mail: lcherezova12@yandex.ru*

Detection of Tc1/*mariner* superfamily DNA transposons in the transcriptomes of *Coregonus baicalensis* under temperature stress

Cherezova V.M.*, Sidorova T.V., Sapozhnikova Yu.P., Koroleva A.G.,
Potapov S.A., Sukhanova L.V.
Limnological Institute, Siberian Branch of the Russian Academy of Sciences, Irkutsk, Russia
**e-mail: lcherezova12@yandex.ru*

Резюме. Исследовано разнообразие и транскрипционная активность мобильных элементов, в целом, и ДНК-транспозонов суперсемейства Tc1/*mariner*, в частности, в транскриптоме *Coregonus baicalensis* Dybowski при температурном стрессе. Методом нанопорового секвенирования на примере узкой группы транспозонов DTSsa4 было показано в мРНК каких генов присутствуют и дифференциально транскрибируются транспозоны данной группы.
Ключевые слова: ДНК-транспозоны, суперсемейство Tc1/*mariner,* мРНК, нанопоровое секвенирование, байкальский сиг, температурный стресс

Abstract. The diversity and transcriptional activity of transposable elements in general, and DNA transposons of the Tc1/*mariner* superfamily in particular, were studied in the transcriptome of *Coregonus baicalensis* Dybowski under temperature stress. Using nanopore sequencing and focusing on a small group of DTSsa4 transposons we showed in which gene mRNAs these transposons are present and differentially transcribed.
Keywords: DNA transposons, superfamily Tc1/*mariner,* mRNA, nanopore NGS, Baikal whitefish, temperature stress

Вариации в активности, количестве и разнообразии мобильных генетических элементов (МЭ) или транспозонов все больше связывают с событиями видообразования, и это особенно верно в отношении эволюции рыб, поскольку их геномы демонстрируют наибольшее разнообразие МЭ среди позвоночных животных. Стрессовые факторы, такие как болезни, температурный шок и гибридизация приводят к повышению транскрипционной активности МЭ и всплескам перемещения по геному, но лежащие в их основе механизмы недостаточно изучены. Классификация и разнообразие ДНК-транспозонов суперсемейства Tc1/*mariner* постоянно обновляются по мере удешевления секвенирования и появления новых полных геномов. Предполагается, что Tc1-подобные ДНК-транспозоны могут транскрибироваться как с собственных промоторов, так и в составе мРНК генов хозяина.

Разработан эксперимент, цель которого заключалась в исследовании предварительной температурной адаптации на стадии икры *Coregonus baicalensis* (контрольная группа: содержание при температуре 3 °C; группа с предварительной адаптацией: два раза в неделю повышение до 9 °C) на последующую стрессоустойчивость молоди сига при остром температурном стрессе (температура 24 °C в течение 2х часов). Получено четыре группы: a1 – предварительная адаптация; a2 – предварительная адаптация + температурный стресс; a3 – без адаптации + температурный стресс; a4 – аквакультурный контроль.

В данной работе предлагается комплексный подход изучения МЭ: сборка транскриптомов de novo с помощью секвенирования Illumina и исследование разнообразия МЭ в них; а также предложена методика *in vitro* «извлечения» фрагментов транспозона непосредственно из транскриптома вместе с соседствующим фрагментом мРНК методом RACE (Rapid Amplification of cDNA Ends) в комплексе с нанопоровым секвенированием (Oxford Nanopore Technologies).

В результате секвенирования на приборе Illumina NovaSeq 6000 (парными чтениями длиной 150 bp) в компании Novogene Limited (Китай) и сборки транскриптомов de novo, было идентифицировано 727 333 контига. При проведении аннотации МЭ в транскриптомах байкальского озерного сига отмечено, что ДНК-транспозоны превалируют над другими классами МЭ. В свою очередь, среди суперсемейств DDE-транспозаз наиболее распространенными являются ДНК-транспозоны суперсемейства Tc1/*mariner* (62%). При сравнении экспрессии МЭ среди групп a1, a2, a3, a4, в группе преадаптированных рыб, подвергнутых острому температурному стрессу (a2), наблюдается снижение экспрессии МЭ суперсемейств DDE-транспозаз.

Для узкой группы ДНК-транспозонов DTSsa4 суперсемейства Tc1/*mariner* были подобраны праймеры на консервативный DDE-домен транспозазы (амплификация направлена в сторону 3’ концов транскриптов). На мРНК личинок сига в группах a1, a2, a3, a4 методом RACE (Rapid Amplification of cDNA Ends) и секвенированием библиотек кДНК на платформе MinION (Oxford Nanopore Technologies, Великобритания) получено 602 225 нуклеотидных последовательностей. В ходе проведения сортировки и фильтрации количество данных уменьшилось до 4,2 %. При анализе дифференциально экспрессирующихся генов, соседствующих с транспозонами группы DTSsa4, достоверно выявлено 1202 транскрипта (порог значимости p = 0,01 (logFC = 1)), среди которых в группе с предварительной адаптацией при температурном стрессе (a2) паттерн экспрессии множества генов меняется в сторону выключения, ослабления экспрессии. Также была

проанализирована возможная взаимосвязь между присутствием транспозонов группы DTSsa4 внутри мРНК генов, участвующих в ответе на стресс, и уровнем их транскрипции.

Таким образом, комплексный подход изучения разнообразия МЭ в транскриптомах байкальского сига подтвердил свою информативность. Важно заметить, что транспозоны Tc1/*mariner,* транскрибируемые в составе генов, могут служить для сиговых рыб уникальным субстратом для быстрой адаптивной эволюции, создавая в UTR и интронах матрицу для новых сайтов связывания микро-РНК и РНК-связывающих белков, что многократно усложняет пост-транскрипционную регуляцию.

Информация об авторах:
Черезова Валерия Максимовна, ORCID ID 0000-0002-3115-5465
Сидорова Туяна Валерьевна, ORCID ID 0000-0003-3196-5270
Сапожникова Юлия Павловна, ORCID ID 0000-0002-3584-0750
Королева Анастасия Геннадьевна, ORCID ID 0000-0002-5255-0448
Потапов Сергей Анатольевич, ORCID ID 0000-0003-1391-6731
Суханова Любовь Васильевна, ORCID ID 0000-0003-1550-1468

Абакумова Т.В. 92
Абилев С.К. **92**, 308, 318
Абрамсон Н.И. 271
Аврамова Е.С. 297
Адилова Л.М. 299
Алимова А.Ш. **18**
Алмаева Э.Р. **21**
Аляутдинова И.А. 249
Амосова А.В. **123**, 143
Андреева Е.А. 137
Андреева Т.В. 53
Андреенкова Н.Г. 24
Андрианов Б.В. 31
Антонова Е.В. **297**
Антонова О.Ю. **125**
Аракелян Н.А. **26**
Арамова О.Ю. **214**
Артамошкина О.М. 47, 50
Артемов Г.Н. 21
Афонников Д.А. 311
Ахметова Ф.М. 221
Бадаева Е.Д. 149
Балинова Н.В. **216**
Банникова А.А. 57, 60, 67, 260
Баричева Э. 118
Барминцева А.Е. **28**
Барсукова М.М. 155
Басенко К.А. 306
Баскевич М.И. **257**
Батищева Н.М. 120
Бега А.Г. **31**, 41, 118
Белов А.И. 249
Белоконь М.М. 35, 63, 82, 96, 106, **128**, 131
Белоконь Ю.С. 63, 82, 96, 106, 128, **131**
Бигалиев А.Б **299**
Бисултанова З.И. 146, **219**
Биттуева М.М. **221**
Блехман А.В. **260**
Блидченко Е.Ю. 72
Бобрешова А.М. 216
Боготова З.И. 221
Бодров С.Ю. 271
Болотовский А.А. 278
Бондарев А.Я. 63
Бондарь Е.И. **33**, 116, **263**
Бородин Л.И. 41
Боронникова С.В. **134**
Бочкарев Н.А. 285
Брандлер О.В. 260, **265**
Брусенцов И.И. 118
Буланов А.Н. **137**
Бурак М.В. 264
Бурлак В.А. 118
Бутовская М.Л. 238
Васильев В.П. 268
Васильев Г.В. 304
Васильева Е.Д. **268**
Величков И.В. 202
Вергун А.А. 38
Вержбицкая-Змитрович С.В. **35**
Ветчинникова Л.В. **141**, 199
Войлоков А.В. 137
Воронецкий В.И. **12**
Воронин С.В. 216
Воронкова В.Н. 112
Воронова А.Н. **223**
Воронцова Е.В. 63
Вэй Цзы 92
Гераськин С.А. **302**
Гинс М.С. 123
Гирнык А.Е. **38**
Глызина О.Ю. 285
Гнутиков А.А. **143**
Головчан Н.Н. 260
Гордеев М.И. 31, **41**
Горецкая М.Я. 35
Горошкевич С.Н. 128
Горячева И.И. 31
Грачева А.С. **224**, 251
Гребенчук А.Е. 44
Григоренко Е.Л. 243
Губина М.А. 251
Гуляева О.Н. 228
Гусев Ф.Е. 53
Гусенкова К.Д. 87
Давыдов А.В. 63
Давыдова Л.В. **47**, 50
Двояшов И.А. 94, **271**
Денисенко А.Д. 98
Денисова Г.А. 241
Джамбетова П.М. **146**, 219
Добрынин П.В. 243
Дорошилова А.В. **228**
Драгович А.Ю. **149**
Дудко Н.А. **53**
Дудников А.Ю. **304**
Евстигнеева А.В. 137
Емельянова О.Р. 104
Еськова К.А. 67
Ефименко К.С. 189
Ефимова А.П. **152**

Ефимова И.Ю. 216
Жигунов А.В. 141, 199
Жидяева С.В. 125
Жукова А.Г. 228
Жукова О.В. 243
Затолока Д.А. **306**
Зеленина Д.А. **54**, 98
Зикунова О.В. 98
Зощук С.А. 123
Зубов М.С. 318
Зыкин П.А. 137
Ибрагимова А.М. 249
Иваницкий В.В. 82, 96, 106
Иванов Р.А. 311
Ивановская С.И. **155**, 170, 186
Игонина Е.В. **308**
Извольская М.А. **57**, **60**
Ильенко Л.И. 246, 249
Имекина Д.О. 254
Каган Д.И. 155, 170, 186
Каган М.В. 31
Казимиров П.А. **63**, 85
Казицкая А.С. 228
Кальнюк Ю.В. 123
Каменская Д.Н. 121
Камнев А.М. 125
Капустина С.Ю. **67**, 260, 265
Карагодин Д.А. 118
Карапетян А.М. 210
Карел В.В. 63
Карселадзе Н.Д. 246
Картавцев Ю.Ф. 274
Карякин И.В. 24
Кашенцева Т.А. 85
Кашин А.С. 168, 189
Каштанов С.Н. 26, 92
Квартальнов П.В. 96
Ким А.И. 324
Кипень В.Н. **69**
Китова Е.В. 216
Климовский А.И. 271
Кожахметова А.Н. 299
Козлов А.П. **275**
Козыренко Д.Ю. 109
Колобов М.Ю. 316
Колтунова А.М. 158
Кондратьева А.О. 168
Конради А.А. 41
Кораблёв М.П. **72**
Королева А.Г. 285, 330
Королева И.М. 33
Котенкова Е.В. 257
Котова С.А. **233**, **236**
Кошерова К.А. **75**
Кравченко А.Н. **159**
Крутовский К.В. **14**, **162**, 176, 179, 183, 196, 275
Крылова Е.А. **165**, 174
Кудрявцев А.М. 275
Кузнецова А.С. 109
Кузнецова О.П. 216
Кулаков М.П. 327
Куликов А.М. 238
Кулимбетов А.С. 299
Кулисёва Ю.И. **168**
Куприянов В.П. 80
Курбатова О.Л. 224
Курносов Д.С. 104
Кухлевский А.Д. 33, 263
Куцев М.Г. 158
Куцев С.И. 216
Лавренов А.Р. 324
Лавренченко Л.А. 271
Лазебный О.Е. **238**
Лайшев К.А. 109
Лапкасов М.Е. 125
Лашин С.А. **311**
Лебедев В.С. 57
Лебедева С.Ю. 249
Лёвин Б.А. **278**
Лёвина М.А. 278
Лисовский А.А. 94
Литвинов А.Н. 241
Литовченко Д.А. 179
Лопатин А.В. 271
Лоскутов И.Г. 143
Лузина Ф.А. 228
Лукьянчикова В. 118
Лян Цзянтао 118
Магарламов Т.Ю. 116
Мальцев А.Н. 257
Малярчук Б.А. **241**
Манахов А.Д. 26, 53
Манухов И.В. 316
Марахонов А.В. 216
Маркевич М.С. 155
Маркевич Т.С. **170**, 168
Маркова Е.Н. 125
Марова И.М. 82, 96, 106
Марущак А.В. **313**
Матвеев С.М. 179, 183
Матвеева В.О. **316**
Матвеевский С.Н. **77**, 265
Матушкин Ю.Г. 311
Матюхина Д.С. 72
Мейер А.В. 254

Мещерский И.Г. 80
Мещерский С.И. **80**
Минина В.И. 313
Минко Д.В. 165, **174**
Михайлова М.В. **82**
Моргачева М.Д. 125
Москаев А.В. 31, 41
Мудрик Е.А. **85**, 131
Муравенко О.В. 123, 143
Муравская У.О. 54, 98
Мустафаев Н.Д. 278
Муха Д.В. 75
Мухина А.А. 216
Мырзатай А.М. 299
Мышлявкина Т.А. 324
Мюге Н.С. 28, 54, **87**, 278
Наздрачева М.Р. 249
Найденко С.В. 114
Настаева С.Р. 221
Наумова О.Ю. **243**
Небесихина Н.А. 18
Нелюбина П.Е. 194
Николаев П.Д. **90**
Новикова С.В. 162, **176**, 179, 183
Носов Н.Н. 143
Олейник А.Г. 33, 263, **280**
Ондар С.О. 260
Онохов А.А. **92**
Орешкова Н.В. 162, 176, **179**, **183**
Орлов А.М. 104
Орлова Н.В. **246**, 249
Осипова Е.В. 216
Островский Б.Д. 54
Охлопкова Ж.М. 131
Павличенко В.В. 194
Павлова С.В. 60
Падутов А.Е. 155, 170, 186
Падутов В.Е. 155, 170, **186**
Паницина В.А. 94, 271
Панов В.И. 41
Пархоменко А.С. **189**
Перетолчина Т.Е. 292
Першин Д.Е. 216
Петрова Е.А. 128
Петрова Т.В. **94**, 271
Печенёва А.А. **96**
Пильганчук О.А. 54, **98**
Пилюгина А.Л. 299
Писарева М.П. 202
Плехова Н.Г. 223
Полежаева М.А. 207
Политов Д.В. **7**, 63, 85, 128, 131, 285
Полякова Т.А. 152, **191**
Пономарева Е.В. 90
Попова А.А. 179, 183
Порошина А.А. 283
Постельных К.А. 85
Потапов С.А. 330
Поташникова Е.В. 80
Потокина Е.К. 199
Похилюк Н.В. 241
Протопопов А.В. 271
Протопопова М.В. **194**
Прошаков П.А. 238
Пудовкина Т.А. 292
Пузаченко А.Ю. 265
Путинцев Н.И. 260
Ревякина Л.А. 238
Рогаев Е.И. 26
Родионов А.В. 143
Рожнов В.В. 72, 114
Романович Е.А. 236
Рубцов А.С. **101**
Румак В.С. 324
Рыжков Д.В. 63
Рыжкова А. 118
Рычалина А.В. 137
Рычков С.Ю. 243
Рябинина О.М. 63
Рябухина М.В. 47, 50, **196**
Савельева С.Ю. **104**
Савенков В.В. 98
Салменкова Е.А. 7
Самсонова И.П. **106**
Сапожникова Ю.П. 285, 330
Сафронова Л.Д. 257
Сафронычева Е.Д. **199**
Сбоева Я.В. 134
Свищева Г.Р. 109
Семенов А.Р. 123
Семериков В.Л. 202
Семерикова С.А. **202**
Семина М.Т. **109**
Сердюк Н.В. 271
Сидорова Т.В. 330
Симонов Е.П. 278
Скалин М.Д. 251
Смирнова С.В. **318**
Соловьева Е.Н. 268
Солошенков А.Д. 112
Солошенкова Э.А. **112**
Сорокин П.А. 114
Сошнина В.А. 54, 87
Спивак Е.А. 233, 236
Спирякина Я.Г. **249**
Стахеев В.В. 63

Степанова Н.Ю. 205
Степанян А.С. 210
Столповский Ю.А. 109, 112
Строганов А.Н. 90
Суров А.В. 80
Суханова Л.В. **285**, 330
Сычева Л.П. **322**
Тарасян К.К. **114**
Татонова Ю.В. 306
Ташев А.Н. 202
Темботова Ф.А. 265
Терентьев П.М. 33
Тиганова О.А. 246
Титов А.Ф. 141
Тиунов М.П. 271
Тиходеев О.Н. **288**
Трибой Т.И. 292
Тухбатуллин А.Р. 260, 265
Удина И.Г. 224, **251**
Ульянова М.В. **254**
Умнова Н.В. **324**
Усатов А.В. 18
Федорова А.В. 205
Феоктистова Н.Ю. 80
Филимонов П.А. 92
Фисенко А.В. 149
Фоменко М.А. **116**
Фрисман Е.Я. **327**
Фэн Ифан **118**
Хайдара М.К. 21
Халин А.В. 31
Хамчукова А.М. 63
Харламова А.В. 53
Хинков Г.И. 202
Хлесткина Е.К. 165, 174
Холодова М.В. 114
Цветкова Н.В. 137
Цыбовский И.С. 44
Чередниченко О.Г. 299
Черезова В.М. 330
Чертов Н.В. 134
Шалабаева К.З. 299
Шанцер И.А. **205**
Шарахов И.В. **290**
Шарахова М 118
Шаров В.В. 162, 176, 179, 183
Шатохина А.В. 85, 191
Швецова Н.А. 194
Шепелева Д.В. 53
Шималина Н.С. 297
Шипилина Л.Ю. 165
Шихевич С.Г. 53
Шпигальская Н.Ю. 54
Шубина Е.А. 90
Щербаков Д.Ю. 283, **292**
Щербакова В.Д. 28, 87
Щербинина А.Ю. 216
Экарт А.К. 159
Юнусова Д.Р. **207**
Юркевич О.Ю. 123
Ягодина В.Д. **120**
Ядыкина Т.К. 228
Янбаев Ю.А. **210**
Янковский Н.К. 251
Яхненко В.М. 285
Ячменникова А.А. 72
Liu S. 94

ПАРТНЕРЫ

ООО «Молекулаб» поставляет лабораторное оборудование, реагенты, пластик и расходные материалы для научно-исследовательских, медицинских и производственных лабораторий. Компания помогает комплексно оснащать лаборатории и подбирать решения под конкретные методики и задачи.

Основные направления деятельности:

- молекулярная биология, ПЦР и анализ нуклеиновых кислот;
- генетика, секвенирование и криминалистические исследования;
- клеточная биология, микробиология и иммунологические методы;
- общелабораторное оснащение и пробоподготовка.

Склад: 142290, МО, г. Пущино, ул. Институтская, д. 7
Тел.: +7 (499) 577-00-45, E-mail: Info@moleculab.ru, moleculab.ru

ООО «БелБиоЛаб» – московская биотех компания, разработчик и производитель реагентов для научных исследований, основана в 2015 году. Производит различные ферменты и реакционные буферы для генной инженерии, молекулярной биологии, лабораторной диагностики. В каталог также входят мастермиксы и дополнительные реактивы, предназначенные для различных видов ПЦР, а также наборы для выделения нуклеиновых кислот и синтеза кДНК.

Москва, ул. Годовикова 9, стр 12, 129085
Тел.: +7 (925) 097-98-63 E-mail: order@belbiolab.ru www.belbiolab.ru

ООО «Сесана» (SESANA) — российский производитель и интегратор полного цикла в области высокопроизводительного секвенирования (NGS). С 2007 года компания разрабатывает и внедряет комплексные решения для медицинской генетики, клинической диагностики и научных исследований. «Сесана» закрывает 100% потребностей заказчика: от поставки оборудования и реагентов до научного сервиса, биоинформатической поддержки и обучения персонала.

Демонстрационная лаборатория : г. Москва, Стромынка 13А
Тел.: +7 (495) 128-82-74 E-mail: sales@sesana.ru
Оборудование и реактивы: +7 967 133-07-66 Научный сервис: +7 967 133-07-68

АО «БиоХимМак» более 35 лет успешно занимается оснащением научных и медико-диагностических лабораторий современным и инновационным оборудованием, реагентами и расходными материалами. Компания работает с ведущими российскими и зарубежными производителями научного и медицинского оборудования.

Москва, Ломоносовский пр., д. 29, корп. 1
Тел.: +7 (495) 647-27-40 E-mail: pcr@biochemmack.ru www.biochemmack.ru

Подписано в печать 08.10.2026 г.
Формат 64 × 84/8. Объём 42,25 печ. л. (39,29 усл. печ. л.)
Тираж 150 экз.

Отпечатано в типографии «Ваш Формат»
г. Москва, ул. Донская, 32.
www.kniga-premium.ru

ОРГАНИЗАЦИОННЫЙ КОМИТЕТ ВЫРАЖАЕТ БЛАГОДАРНОСТЬ ПАРТНЕРАМ

MoleculaLab

БЕЛБИОЛАБ

SEANA

BCM
БИОХИММАК


Институт
общей генетики
им. Н.И. Вавилова
РАН