

МИНИСТЕРСТВО НАУКИ И ВЫСШЕГО ОБРАЗОВАНИЯ РФ  
ФЕДЕРАЛЬНОЕ ГОСУДАРСТВЕННОЕ БЮДЖЕТНОЕ УЧРЕЖДЕНИЕ НАУКИ  
ИНСТИТУТ ЭКОЛОГИИ РАСТЕНИЙ И ЖИВОТНЫХ УРАЛЬСКОГО ОТДЕЛЕНИЯ  
РОССИЙСКОЙ АКАДЕМИИ НАУК



# **ЭКОЛОГИЯ И ЭВОЛЮЦИЯ: НОВЫЕ ГОРИЗОНТЫ**

**МАТЕРИАЛЫ МЕЖДУНАРОДНОГО СИМПОЗИУМА,  
ПОСВЯЩЕННОГО 100-ЛЕТИЮ АКАДЕМИКА С. С. ШВАРЦА  
ЕКАТЕРИНБУРГ, 1–5 АПРЕЛЯ 2019 г.**

Екатеринбург  
2019

## GENETICAL DIVERSITY AND PRODUCTIVITY OF THE ARID PASTURE LAND SPECIES *KOCHIA PROSTRATA* GROWING ON DIFFERENT TYPES OF SOIL

Shuyskaya E. V.<sup>1</sup>, Lebedeva M. P.<sup>2</sup>, Kolesnikov A. V.<sup>3</sup>

<sup>1</sup>*K. A. Timiryazev Institute of Plant Physiology RAS, Moscow, Russia*

<sup>2</sup>*V. V. Dokuchaev Soil Science Institute RAS, Moscow, Russia*

<sup>3</sup>*Institute of Forest Science RAS, Moscow region, Russia*

e-mail: [evshuya@mail.ru](mailto:evshuya@mail.ru)

We performed population and genetic analysis of 14 *Kochia prostrata* populations from the northwestern Caspian Sea area. In the populations growing on dark-humus saline and chestnut soils, the level of genetic diversity is 1.5–1.8 times lower than in those growing on saline and chestnut alkali soils. At the same time, the biomass of bushes on alkalis is higher than on chestnut saline soils and chestnut soils. Thus, there is a nonlinear dependence of biomass accumulation and the level of genetic diversity on the content of the sum of salts in soils of different morphological types.

**Key words:** *Kochia prostrata*, genetic diversity, biomass, soil types.

## К ВОПРОСУ О ВНУТРИВИДОВОЙ СИСТЕМАТИКЕ БЕРЕГОВОЙ (*RIPARIA RIPARIA*) И БЛЕДНОЙ (*R. DILUTA*) ЛАСТОЧЕК

Щербакова М. М.<sup>1</sup>, Коробицын И. Г.<sup>1</sup>, Горошко О. А.<sup>2,3</sup>,  
Тютеньков О. Ю.<sup>1,4</sup>, Головнёва А. А.<sup>1</sup>, Ковалевский А. В.<sup>5</sup>,  
Кохонов Е. В.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>*Национальный исследовательский Томский государственный университет,  
г. Томск, Россия*

<sup>2</sup>*Государственный природный биосферный заповедник «Даурский»,  
п. Нижний Цасучей, Россия*

<sup>3</sup>*Институт природных ресурсов, экологии и криологии СО РАН, г. Чита, Россия*

<sup>4</sup>*Северский природный парк, г. Северск, Россия*

<sup>5</sup>*Кемеровский государственный университет, г. Кемерово, Россия*

e-mail: [Mary\\_scherbakova@yahoo.com](mailto:Mary_scherbakova@yahoo.com)

Подвидовая систематика береговой *Riparia riparia*, а также бледной *R. diluta* ласточек неоднократно пересматривалась (Гаврилов, Савченко, 1991; Горошко, 1993). Число подвидов у каждого из видов в разных работах существенно разли-

чается. Подробно подвиды и изменения в систематике ласточек рода *Riparia* описаны в ряде публикаций (Гаврилов, Савченко, 1991; Горошко, 1993; Loskot, 2001; Rasmussen, Anderton, 2005; Schweizer, Aye, 2007; Евтихова, Редькин, 2012; Schweizer et al., 2018; и др.).

Наибольшее количество подвидов (11) *R. riparia* упоминается в работе Евтиховой и Редькина (2012): *R. r. riparia*, *R. r. shelleyi*, *R. r. eilata*, *R. r. sibirica*, *R. r. innominata*, *R. r. macrorhyncha*, *R. r. kolymensis*, *R. r. goroshkoi*, *R. r. taczanowskii*, *R. r. ijimae* и *R. r. maximiliani*. Для *R. diluta* Schweizer и Aye (2007) приводят 6 подвидов: *R. d. diluta*, *R. d. gavrilovi*, *R. d. transbaykalica*, *R. d. indica*, *R. d. fohkienensis*, *R. d. tibetana*.

Генетическая дифференциация и разнообразие этих видов до недавнего времени были освещены лишь в единственной работе — Павловой с соавт. (2008). Однако, несмотря на широкий географический охват образцов обоих видов, включенных в анализ, в работе отсутствовали пробы ласточек из южных районов Западной Сибири, где они обитают симпатрично, а также бледной ласточки — из юго-восточного Забайкалья. Вместе с тем внимание авторов привлекли 2 особи *R. diluta* с северо-востока Монголии, имевшие высокий уровень генетических отличий от всех остальных бледных ласточек. Это послужило поводом для проверки генетических особенностей ласточек, гнездящихся в Забайкальском крае на границе с Монголией, представляющих подвид *R. d. transbaykalica*, описанный О. А. Горошко.

Цель настоящей работы — выявление генетических особенностей ласточек из Западной Сибири и юго-восточного Забайкалья и их места в филогенетической структуре, сопоставление результатов генетического анализа с известными данными по внутривидовой систематике, базирующейся на данных морфологии.

Всего в 2018 г. на территории Даурского заповедника отловлено 10 особей *R. diluta*, у которых прижизненно взяты образцы крови. Фрагмент гена ND2 мтДНК (922–1041 пн) получили, руководствуясь методикой, описанной в работе Pavlova et al. (2008). В анализ также вошли полученные нами последовательности двух видов ласточек ( $n = 142$ ) из разных, в том числе смешанных колоний Западной Сибири, а также более 100 последовательностей гена ND2 ласточек обоих видов, размещенных в базе GenBank из разных частей ареала (Европа, Восточная Сибирь, Дальний Восток, Казахстан, Монголия). Для ряда особей, демонстрирующих промежуточные между видами признаки, нами проведено сопоставление их мтДНК с ядерным геном MUSK согласно методике Pavlova et al. (2008), которое не подтвердило наличие гибридов.

Информационный «вакуум», сложившийся вокруг генетической структуры данных видов, привлек внимание также группы иностранных исследователей. В новой публикации (Schweizer et al., 2018) рассматриваются новые образцы, в том числе из Западной Сибири, а также из других частей ареала (Ближний Восток, Китай, Северная Индия и т.д.), где наблюдались пробелы в географии проб.

Наши результаты подтвердили очень низкий уровень генетических различий для береговой ласточки по мтДНК, не поддерживающий выделение подвидов по морфологическим критериям, что было показано и другими авторами (Pavlova et al., 2008; Schweizer et al., 2018). Так, гаплотипы, встреченные у *R. riparia* Западной Сибири, являются общими с таковыми у ласточек Европы, Восточной Сибири, Забайкалья и Дальнего Востока, т. е. для 6 описанных на этих территориях подвидов, а с учетом зарубежных работ гаплотипы близки практически у всех описанных форм. Несмотря на это, Schweizer et al. (2018) предлагают выделять подвиды, которые признавались практически всеми исследователями: *R. r. riparia*, *R. r. ijimae*, а также *R. r. shelleyi*, который, по их мнению, генетически идентичен *R. r. eilata*. По нашим данным у *R. diluta*, на территории России выявлены две хорошо обособленные группы гаплотипов с генетической дистанцией — 2.7%: первая объединяет ласточек из юго-восточного Забайкалья и сопредельной территории Монголии и соответствует подвиду *R. d. Transbaykalica*; вторая объединяет всех остальных бледных ласточек из Западной Сибири, Иркутской области, Тывы и Бурятии, соответствующих описанным подвидам *R. diluta diluta* и *R. diluta gavrilovi*. У бледной ласточки в отличие от береговой на основе анализа мтДНК с высокой достоверностью выделяются 4 подвида: *R. d. diluta*, *R. d. indica*, *R. d. fohkienensis*, *R. d. tibetana* (Schweizer et al., 2018). Авторы в последней работе, проанализировав по гену ND2 мтДНК большее количество образцов *R. diluta* из разных частей ареала, включая уже упомянутые две пробы из Монголии и одну новую пробу из района оз. Торей (Забайкальский край, Россия), пришли к интересному результату — три ласточки из Даурии объединились в общий кластер с ласточками подвида *R. d. tibetana* с территории Центрального и Юго-Западного Китая и Непала в районе Цинхай-Тибетского нагорья, откуда происходит этот подвид. Интересно, что между находками бледной ласточки в Даурии и Китае имеется протяженный разрыв ареала, составляющий более 1000 км (Schweizer et al., 2018). Генетическую близость ласточек этих территорий, по мнению авторов, можно объяснить с нескольких позиций. Ареал *R. d. tibetana*, возможно, более широкий, чем считалось ранее, либо это следствие неполной сортировки линий подвидов *R.d. diluta* / *R.d. tibetana*, а также может говорить о существовании зоны вторичных контактов между ними с последовавшей вследствие этого интрогрессией. Наше объяснение генетического сходства ласточек этих отдаленных территорий в целом также сводится к вероятной интрогрессии либо неполному расхождению линий, но только между подвидами *R. d. tibetana* / *R. d. transbaykalica*. В пользу последнего говорят четкие морфологические отличия *R. d. transbaykalica* от *R.d. diluta* и *R.d. tibetana* (Горошко, 1993), а также разрывы ареала между *R.d. transbaykalica* и номинативным подвидом на территории Бурятии протяженностью примерно в 300 км. Южные границы распространения *R.d. transbaykalica* пока точно не выяснены, но, вероятно, ареал данного подвида здесь также изолирован от других рас.

Работа поддержана РФФИ (проект № 18–34–00349).

ON THE QUESTION OF SUBSPECIES CLASSIFICATION OF SAND  
(*RIPARIA RIPARIA*) AND PALE SAND (*R. DILUTA*) MARTINS

Scherbakova M. M.<sup>1</sup>, Korobitsyn I. G.<sup>1</sup>, Goroshko O. A.<sup>2,3</sup>,  
Tyutenkov O. Y.<sup>1,4</sup>, Golovneva A. A.<sup>1</sup>, Kovalevskiy A. V.<sup>5</sup>, Kohonov E. V.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>National Research Tomsk State University, Tomsk, Russia

<sup>2</sup>State Nature Biosphere Reserve «Daursky», Nizhny Tsasuchey, Russia

<sup>3</sup>Institute of Natural Resources, Ecology and Cryology SB RAS, Chita, Russia

<sup>4</sup>Seversk Nature Park, Seversk, Russia

<sup>5</sup>Kemerovo State University, Kemerovo, Russia

e-mail: Mary\_scherbakova@yahoo.com

The purpose of the work was to reveal genetic peculiarities of martins out of Western Siberia and south-east Transbaikalia, to define the positions of the martins in phylogenetic structure, and to compare the genetic analysis results with known data on intra-species systematics based on morphological data. Genetic analysis was drawn on mtDNA gene ND2 fragment (922–1041 np). The obtained results have confirmed very low degree of genetic differences for the sand martin that does not support subspecies separation by morphologic criteria. In *R. diluta* in the territory of Russia two well isolated groups of haplotypes were found: the first one — martins out of south-east Transbaikalia and adjacent territory of Mongolia — corresponds to subspecies *R.d.transbaykalica*; the second one — pale sand martins out of Western Siberia, Irkutsk region, Tuva and Buryatia — corresponds to the described subspecies *R.diluta diluta* and *R.diluta gavrilovi*.

**Key words:** *Riparia riparia*, *Riparia diluta*, intra-specific variation, phylogenetic structure, mtDNA gene ND2, Western Siberia, Transbaikalia.

ИЗМЕНЧИВОСТЬ ХЛОРОПЛАСТНОЙ ДНК УРАЛЬСКИХ ВИДОВ  
РОДА *ALYSSUM* L. СЕКЦИИ *ODONTARRHENA* (BRASSICACEAE)

Юнусова Д. Р.

Уральский федеральный университет, г. Екатеринбург, Россия

e-mail: dianaiunusova@mail.ru

*Alyssum* — род из семейства Brassicaceae, состоящий из 116 видов (BrassiBase). Уральские виды рода, входящие в секцию *Odontarrhena*, имеют дизъюнктивный ареал и характеризуются большой морфологической близостью. Запутанность таксономии европейских видов данной секции привлекает внимание исследователей (Španiel et al., 2015), которые продемонстрировали несоответствие современных