

Президиум Сибирского отделения РАН
Институт систематики и экологии животных СО РАН
Департамент промышленности, науки и технологий мэрии г. Новосибирска
Главное управление природных ресурсов и охраны окружающей среды Министерства
природных ресурсов России по Новосибирской области
Управление по охране и рациональному использованию охотничьих ресурсов
администрации Новосибирской области
Комитет природных ресурсов и охраны окружающей среды департамента экономического
развития промышленности и предпринимательства Новосибирской области

ВСЕРОССИЙСКАЯ КОНФЕРЕНЦИЯ С УЧАСТИЕМ ЗАРУБЕЖНЫХ УЧЕНЫХ

СИБИРСКАЯ ЗООЛОГИЧЕСКАЯ КОНФЕРЕНЦИЯ

посвященная 60-летию
Института систематики и экологии животных СО РАН
15 – 22 сентября 2004 г.

ТЕЗИСЫ ДОКЛАДОВ



Новосибирск - 2004

СИСТЕМАТИКА И ФИЛОГЕНИЯ САРАНЧОВЫХ (ORTHOPTERA, ACRIDIDAE) В СВЕТЕ МОЛЕКУЛЯРНЫХ И ЦИТОГЕНЕТИЧЕСКИХ ДАННЫХ

¹Л.В. Высоккая, ¹О.Н. Гуляева, ^{1,2}М.Г. Сергеев

¹Новосибирский государственный университет, 630090, г. Новосибирск, ул. Пирогова, 2

²Институт систематики и экологии животных СО РАН, 630091, г. Новосибирск, ул. Фрунзе, 11

e-mail: ¹vysot@fen.nsu.ru, ²mgs@fen.nsu.ru

Современные сравнительно-эволюционные исследования невозможно представить себе без использования цитогенетических и молекулярно-биологических подходов. Саранчовые не являются исключением. Попытки применения сведений о кариотипах в сравнительном анализе саранчовых предпринимались давно (White, 1951; Hewitt, 1979), однако особых успехов они не принесли. В конце 90-х гг. прошлого века появились публикации, посвященные сравнительному анализу нуклеотидных последовательностей саранчовых (Flook, Rowell, 1996; Chapco et al, 1997, 1999 и др.). Эти работы позволили уточнить взаимоотношения некоторых групп.

Несмотря на интенсивные исследования, в систематике и филогении саранчовых остается много спорного и неясного. В частности, нет единой точки зрения на родственные взаимоотношения некоторых родов, триб и даже подсемейств, постоянно пересматривается таксономическая принадлежность отдельных групп. В связи с этим использование цитогенетических и молекулярных данных для решения задач филогении и систематики продолжает оставаться актуальным.

Мы провели анализ нуклеотидной последовательности фрагмента гена 16S рибосомной РНК у 36 видов голарктических саранчовых: 22 видов, принадлежащих к подсемейству Acridinae s.l., 13 видов – к подсемейству Locustinae (=Oedipodinae), 1 вида (*Ognevia longipennis* (Shir.)) из подсемейства Catantopinae s.l. Данные для *Locusta migratoria* L. (Oedipodinae) и сверчка *Gryllus fultoni* (Alexander), использованного в качестве внешней группы, были взяты из базы данных NCBI. Дендрограммы сходства, построенные с помощью программ пакета PHYLIP, сопоставляли с цитогенетическими данными, морфологическими и зоогеографическими характеристиками. В качестве кариотипических признаков использовали число и морфологию хромосом, в том числе размеры и локализацию блоков конститутивного гетерохроматина, а также характер распределения рекомбинационных обменов по длине бивалентов в поздней профазе мейоза.

Полученные молекулярные данные, прежде всего, убедительно демонстрируют обособленность изученных представителей Acridinae и Locustinae, что противоречит широко распространенной в последние десятилетия точке зрения о нецелесообразности выделения последнего подсемейства (Лачининский и др., 2002).

В подсемействе Locustinae обнаруживаются две ветви с хорошей статистической поддержкой. Одна – это рано обособившиеся *Oedipoda coerulescens* (L.), *Oedaleus decorus* (Germ.), *Locustia migratoria* L. и *Angaracris barabensis* (Pall.). Вторая образована неарктическими видами *Arphia xantoptera* (Burm.), *Spharagemon collare* (Scudd.) и *Dissosteira carolina* (L.). Интересно, что группа палеарктических видов с проксимально локализованными хиазмами в этом подсемействе на дендрограммах «рассыпается», что может свидетельствовать о параллельном возникновении этого признака.

В подсемействе Acridinae выделяется ветвь *Euchorthippus pulvinatus* (F.d.W.) – *Euthystira brachyptera* (Ocsk.) – *Podismopsis poppiusi* (Mir.). Ее обособленность подтверждается и данными цитогенетического анализа. Интересно также, что представители рода *Chorthippus* s.l. оказываются в разных ветвях с хорошей статистической поддержкой.

Исследование выполнено при частичной финансовой поддержке U.S.I.A., Интеграционных проектов СО РАН 145 (2003-2005 гг.), ФЦП «Интеграция» (проект Э0415), РФФИ (03-04-48633) и программы «Университеты России» (грант 07.01.020).

КАДАСТР ПОЧВЕННОЙ МЕЗОФАУНЫ ПРИАМУРЬЯ И ВОЗМОЖНОСТЬ ЕГО ПРАКТИЧЕСКОГО ИСПОЛЬЗОВАНИЯ

Г.Н. Ганин

Институт водных и экологических проблем ДВО РАН, г. Хабаровск, Ким-Ю-Чена, 65

e-mail: ganin@ivep.as.khb.ru, <http://www.ivep.khv.ru/Person>

Почвенные беспозвоночные (мезофауна) основных растительных сообществ восьми заповедников юга российского Дальнего Востока представлены более чем 810 видами. Выделяются две явно различающиеся «конкретные фауны» почвенных животных, территориально тяготеющие к Приамурью и Приморью. Очевидна связь комплексов педобионтов с типами почв. При этом мезофауна находится также в границах растительных зон, а подстильно-почвенные формы — еще и подзон.

Видовой состав, плотность и биомасса этих животных в обследованных биотопах зоны смешанных, темнохвойных и светлохвойных лесов и лесостепи сведены в Кадастр Педобионтов (Ганин, 1997), который должен входить также и в Кадастр Почвенный, оцениваясь дополнительно как биологический ресурс.

Наибольшим разнообразием и биомассой отличается мезофауна зоны смешанных и широколиственных лесов (607 видов, 26-34 г/м²). В современных условиях темнохвойные леса региона представляют собой