

делены четыре кластера, три из которых были глубоко дифференцированы и соответствовали видам *Ph. xanthodryas*, *Ph. borealis* и *Ph. examinandus*. Четвёртый кластер оказался гетерогенным и имел промежуточное расположение между *borealis* и *examinandus*. Он включал ядерные копии мт-гаплотипов от особей всех вышеперечисленных видов. Необходимо особо подчеркнуть, что в кластер *Ph. xanthodryas* попала одна из копий (NUMT), принадлежащая птице из западной части ареала (Республика Коми, ЗММГУ-R-34870). Таким образом, впервые в ядерном геноме западной *Ph. borealis* обнаружена копия мт-гаплотипа японской таловки *Ph. xanthodryas*, имеющая высокое сходство с её мт-геномом, что подтверждает ядерное происхождение мт-гаплотипа последней. Присутствие в ядерном геноме анализируемых видов значительно дифференцированных, но в то же время выделенных в отдельную группу митохондриальных копий указывает на существование «котла», в котором происходила «эволюция» митохондриального генома комплекса пеночек-таловок. Необходимо отметить, что все таксон-специфичные и большинство уникальных замен митогенома исследованных образцов имелись в его ядерных копиях. Полученные данные указывают на то, что источником митохондриальных замен в данном случае являются мутации в ядерных копиях мт-генов. Поскольку все модели филогенетических реконструкций для мт-гаплотипов основаны на постепенном накоплении мутаций в самом митогеноме, то рекомбинационные события, случающиеся между ядерным и митохондриальным геномами, с резкой сменой «старого» гаплотипа на сильно дифференцированный «новый» разрушают все модели. С большой долей вероятности можно утверждать, что время дивергенции мт-гаплотипов анализируемых видов значительно меньше, чем предполагалось ранее (Saitoh et al., 2010; Alstrom et al., 2011). «Молекулярные часы», не учитывающие рекомбинационные события между разными геномами, в данном случае не могут быть использованы. Сравнение митохондриальных генов и их ядерных копий может прояснить происхождение таксон-специфичных митохондриальных гаплотипов, как показано нами ранее (Спиридонова и др., 2017, 2019).

## МОЛЕКУЛЯРНО-ФИЛОГЕНЕТИЧЕСКИЕ И ФИЛОГЕОГРАФИЧЕСКИЕ ИССЛЕДОВАНИЯ ПТИЦ РОССИИ: РЕЗУЛЬТАТЫ И ПЕРСПЕКТИВЫ

И.Ю. Стариков

Зоологический институт РАН, Санкт-Петербург, Россия

Гейдельбергский университет, Гейдельберг, Германия

ivan.starikov@zin.ru

Изучение филогении и филогеографии птиц с помощью митохондриальных и ядерных генетических маркёров на основе образцов, происходящих из России, началось более четверти века назад. За это время около половины видов оказалось отсекуено как минимум единожды по одному из маркёров. Вместе с тем, охват данных по разным систематическим группам остаётся крайне неравномерным и в целом недостаточным. В настоящем докладе сделана попытка собрать и проанализировать полученные данные на основе опубликованных работ, поиск проводили по последовательностям, депонированным в базы данных GenBank и BOLD. Имеются исследования, содержащие обширный объём генетической информации по ряду таксонов (соколиные, чёрный коршун, могильник, журавлиные, монгольский зуёк, часть врановых, обыкновенная горихвостка, белая трясогузка, варакушка, отдельные виды синиц и мухоловок). При этом полные митогеномы собраны всего для трёх видов (зяблик, урагус и жемчужный вьюрок), а генетика многих видов и большинства подвидов, включая эндемичные, остаётся совершенно неисследованной. Выявлены и предложены таксономические группы, перспективные в плане дальнейшего изучения филогении. Отдельный анализ выполнен для филогеографических исследований, показаны направленные паттерны распределения в ареалах у ряда видов и их отсутствие для других. Многие таксоны могут представлять интерес для популяционно-генетических исследований. Полученные данные также имеют практическое значение — сохранение генофонда редких и угрожаемых видов в природоохранных целях.