



САНКТ-ПЕТЕРБУРГ, 30 ЯНВАРЯ – 4 ФЕВРАЛЯ 2023 Г.

ФИЛОГЕНИЯ ПТИЦ РОССИИ НА ОСНОВЕ ДНК-ШТРИХКОДИРОВАНИЯ: ПЕРВЫЕ ДАННЫЕ

И.Ю. Стариков^{1,2}, М. Винк²

¹ Зоологический институт РАН, Санкт-Петербург, Россия

² Гейдельбергский университет, Гейдельберг, Германия

ivan.starikov@zin.ru

Фрагмент митохондриального гена цитохромоксидазы 1 (COI) был предложен 20 лет назад как ДНК-штрихкод для идентификации видов (Hebert et al., 2003). Маркёр COI стал самым часто секвенируемым в царстве животных (Pentinsaari et al., 2016). База данных Штрих-код Жизни (Barcode of Life Data System, BOLD) содержит на сегодня почти 12 млн последовательностей, включая около 84 тыс. сиквенсов птиц. На данный момент чуть менее двух тысяч образцов птиц происходят из России, что ставит страну на восьмое место в мире по их числу в BOLD. В то же время, географическое покрытие весьма неравномерно, даже учитывая разницу в площади регионов, некоторые из них представлены относительно широко, как Московская и Свердловская области, Краснодарский и Красноярский края, Тува, Ямало-Ненецкий автономный округ, регионы Дальнего Востока. Другие регионы представлены единичными образцами, или не представлены вовсе. Значительна разница и в таксономической репрезентативности, среди 808 видов российской орнитофауны (Коблик, Архипов, 2014; Gill et al., 2022) в базе BOLD имеется 385. Отсутствуют, в том числе, отдельные широко распространённые виды и целые рода: кряква (*Anas platyrhynchos*), лебеди, скопа (*Pandion haliaetus*), тетеревиный (*Accipiter gentilis*), орлы, журавли, серебристая чайка (*Larus argentatus*), обыкновенная кукушка (*Cuculus cuculus*), филин (*Bubo bubo*), некоторые воробьиные. Данные на подвидовом уровне крайне немногочисленны. Для построения филогенетического дерева были использованы все сиквенсы из BOLD с добавлением последовательностей, полученных нами от ряда видов из коллекции, размещённой в Институте фармации и молекулярных биотехнологий Гейдельбергского университета и в Зенкенбергском музее, Дрезден. При расчётах применялись методы байесовского анализа, максимального правдоподобия и ближайшего соседа, а также соответствующие эволюционные модели. Полученные данные позволяют дать общую характеристику митохондриальной филогении видов птиц России и сфокусироваться на отдельных таксономических группах. Дальнейшие исследования в этом направлении приведут к увеличению объёма имеющихся знаний как в теоретической плоскости систематики и биогеографии, так и при осуществлении природоохранной деятельности.

К ВОПРОСУ О ГНЕЗДОВОЙ ЧИСЛЕННОСТИ ВОРОБЬИНООБРАЗНЫХ, НАСЕЛЯЮЩИХ ТРОСТНИКОВО-РОГОЗОВЫЕ ЗАРОСЛИ НИЗОВЬЕВ ДЕЛЬТЫ ВОЛГИ

В.А. Стрелков

Астраханский государственный заповедник, Астрахань, Россия

v.a.strelkov@mail.ru

В прошлом веке орнитологами Астраханского заповедника были достаточно хорошо изучены некоторые особенности биотопического распределения и характера пребывания воробьинообразных, гнездящихся в тростниково-рогозовых зарослях низовьев дельты Волги (Воробьёв, 1936; Луговая, Луговой, 1958; Комаров 1961; Луговой, 1963; Кулешова, 1965, и др.). В 1970–1980-е гг. Н.Д. Реуцким (1984, 1989, 1991, 1999), основываясь на комплексных подходах, была проведена работа по изучению экологии и оценке численности популяций воробьинообразных тростниково-рогозового комплекса дельты Волги. В 2020–2021 г. на территории Дамчикского участка Астраханского заповедника были проведены маршрутные учёты гнездовой численности 11 видов воробьинообразных. Учёты осуществляли с мая по июль в нижней зоне дельты и на её предустьевом пространстве — в култушной зоне и авандельте (согласно районированию Е.Ф. Белевич, 1963). Вид и число птиц определяли на слух по вокализации самцов. Один поющий территориальный самец принимался за условную гнездовую пару.