

МИНИСТЕРСТВО ОБРАЗОВАНИЯ И НАУКИ РФ
ДАГЕСТАНСКИЙ ГОСУДАРСТВЕННЫЙ УНИВЕРСИТЕТ
ИНСТИТУТ ЭКОЛОГИИ И УСТОЙЧИВОГО РАЗВИТИЯ
АНО «ЦЕНТР ПРИРОДЫ КАВКАЗА»
ДРО «РОССИЙСКАЯ ЭКОЛОГИЧЕСКАЯ АКАДЕМИЯ»
МИНИСТЕРСТВО ПРИРОДНЫХ РЕСУРСОВ И ЭКОЛОГИИ РД
КАСПИЙСКИЙ НАУЧНО-ИССЛЕДОВАТЕЛЬСКИЙ ИНСТИТУТ РЫБНОГО ХОЗЯЙСТВА
ПРИКАСПИЙСКИЙ ИНСТИТУТ БИОЛОГИЧЕСКИХ РЕСУРСОВ ДНЦ РАН
ГОРНЫЙ БОТАНИЧЕСКИЙ САД ДНЦ РАН
LENIE 'T HART SEAL FUND
ДРО ИП «РОССИЙСКАЯ ЭКОЛОГИЧЕСКАЯ ПАРТИЯ «ЗЕЛЕННЫЕ»»

При информационной поддержке Журнала «Юг России: экология, развитие»

МАТЕРИАЛЫ

*XIX Международной научной конференции
с элементами научной школы молодых ученых*
**«БИОЛОГИЧЕСКОЕ РАЗНООБРАЗИЕ
КАВКАЗА И ЮГА РОССИИ»**

(г. Махачкала, 5-7 ноября 2017 г.)

2 том

Махачкала 2017

УДК 574
ББК 28.085(531)
М 34

Редакционная коллегия:

Абдурахманов Г.М. (главный редактор)
Магомедова М.З. (ответственный редактор)

Абдусаматов А.С., Алекперов И.Х., Алхасов А.Б., Асадулаев З.М., Борликов Г.М., Васильева Т.В., Гаджиев А.А., Дзуев Р.И., Зайцев В.Ф., Замотайлов А.С., Карачаев Н.А., Литвинская С.А., Магомедов М-Р.Д., Набоженко М.В., Онипченко В.Г., Пименов Ю.Т., Рабазанов Н.И., Салманов М.А., Сокольский А.Ф., Тайсумов М.А., Теймуров А.А., Точиев Т.Ю., Шхагапсоев С.Х.

М 34

Материалы XIX Международной научной конференции с элементами научной школы молодых ученых «БИОЛОГИЧЕСКОЕ РАЗНООБРАЗИЕ КАВКАЗА И ЮГА РОССИИ». (г. Махачкала, 5-7 ноября 2017г.) - Махачкала: Типография ИПЭ РД 2017.- 671с.

Сборник содержит материалы Международной научной конференции с элементами научной школы «Биологическое разнообразие Кавказа и Юга России», целью проведения которой является создание условий для широкого публичного и международного обсуждения и обмена информацией в вопросах обеспечения и решения фундаментальных проблем сохранения биологического разнообразия, редких и исчезающих видов растений и животных, среды их обитания, развитие и укрепление системы особо охраняемых природных территорий, а также устойчивого развития Кавказа и Юга России, путем повышения уровня международного сотрудничества и информационного обмена как внутри научного сообщества, так и между организациями сектора исследований и разработок, сектора высшего профессионального образования, включая молодых ученых, аспирантов, магистров и студентов, а также расширения способов и инструментов научного взаимодействия и обмена информацией, как в рамках отдельных научных направлений, так и междисциплинарного характера.

Ежегодная Международная конференция «Биологическое разнообразие Кавказа и Юга России» вносит немало нового в изучение флоры и фауны региона. Следует отметить, что в последние годы отмечается интенсификация исследований по широкому спектру вопросов, как в традиционном полевом, так и экспериментальном направлениях, широко применяются возможности ГИС-технологий и математического моделирования, что практически выводит исследования разных аспектов биологического разнообразия на качественно новый уровень. Кроме того, конференция охватывает не только прикладные, но и фундаментальные аспекты изучения и защиты биологического разнообразия, затрагивая проблему воплощения в жизнь принципов устойчивого развития.

Издание предназначено для географов, зоологов, ботаников, экологов, природопользователей и специалистов в смежных областях знаний. Материалы сборника могут быть полезны для студентов и преподавателей высших учебных заведений, руководителей и специалистов природоохранных организаций.

Доклады публикуются в авторской редакции.

**Конференция проводится при финансовой поддержке
Российского Фонда Фундаментальных Исследований. Проект 17-04-20579 Г.**

ISBN 978-5-9500577_7_9

© ФГБОУ ВО «Дагестанский государственный университет», 2017.
© ООО «Общественная российская экологическая академия», 2017.
© Институт прикладной экологии РД, 2017.
© ДРО ПП«РЭП «Зеленые», 2017.

организмов. Летом в зообентосе водоема доминировали малощетинковые черви, биомасса кормовых организмов достигала 2.5 г/м².

В Варнавинском водохранилище в весенний период также доминировали бокоплавы, формировавшие до 80% общей биомассы донного сообщества. При этом интегральная биомасса зообентоса была сравнительно низкой – 0.6 г/м². Летом в донном сообществе доминировали малощетинковые черви (71%). Интегральная биомасса зообентоса составила 0.1 г/м².

В бентосных сообществах водоемов Ставропольского края отмечены следующие группы донных организмов: нематоды, малощетинковые черви, брюхоногие и двустворчатые моллюски, ракообразные, водные стадии амфибиотических насекомых.

Весной в бентофауне Новотроицкого водохранилища по биомассе доминировали моллюски *Dreissena polymorpha*, формировавшие 78% общей биомассы кормового бентоса. Интегральная биомасса кормового бентоса достигала 23.8 г/м². Летом в бентофауне рассматриваемого водоема отмечено совместное поселение двустворчатых моллюсков – *D. polymorpha* и *D. bugensis*. Биомасса кормовых организмов составляла 17.6 г/м².

Интегральная биомасса донного сообщества Лысого лимана весной составила 101.6 г/м². Высокие значения биомассы обеспечивали хирономиды, доля этой группы в общей биомассе кормовых организмов составляла 99%. Летом интегральная биомасса кормового зообентоса не превышала 0.6 г/м², доминировали малощетинковые черви (50% общей кормовой биомассы бентоса) и хирономиды (40%).

Чограйское водохранилище отличалось низкими показателями обилия кормового бентоса. Весной интегральная биомасса составила 0.2 г/м². Доминировали хирономиды, доля которых в общей кормовой биомассе зообентоса достигала 87%. В летний период основу биомассы формировали малощетинковые черви (66%). Интегральная биомасса зообентоса составляла 1.2 г/м².

В озере Мокрая Буйвола общая биомасса зообентоса весной достигала 6.4 г/м². По биомассе лидировали хирономиды, на долю которых приходилось 82%. Аналогичные значения получены для лета (6.3 г/м²), преобладали хирономиды (93%).

В водохранилище Волчи Ворота весной биомасса донного сообщества составляла 1.4 г/м², доминировали хирономиды (76% общей биомассы). Летом за счет моллюсков *D. polymorpha* интегральная биомасса кормовых организмов составила 44.6 г/м².

Биомасса зообентоса Отказненского водохранилища в весенний период составила 61.7 г/м², преобладали личинки двукрылых насекомых (73%). Летом биомасса зообентоса не превышала 4.6 г/м², доминировали хирономиды (99%).

Выводы. Исследования 2016 г. на водохранилищах Краснодарского края показали, что наиболее высокие показатели обилия кормовых беспозвоночных характерны для Крюковского водохранилища. Среди исследованных водных объектов Ставропольского края стабильно высокими были показатели обилия кормового бентоса Отказненского водохранилища и оз. Мокрая Буйвола. В лимане Лысом при высоких показателях биомассы в весенний период к лету, очевидно за счет массового вылета доминирующих по биомассе хирономид, в донном сообществе руководящую роль стали играть олигохеты, биомасса донного сообщества сократилась более чем на порядок.

Библиографический список

1. Москул Г.А., Блохина З.Д., Москул Н.Г. Биологические ресурсы Краснодарского водохранилища. Материалы первой международной научно-практической конференции молодых ученых «Комплексные исследования биологических ресурсов южных морей и рек». Астрахань. 2004. С.133-135.

УДК 578.4

ЭКОЛОГИЧЕСКАЯ МОДЕЛЬ ФОРМИРОВАНИЯ НОВЫХ ГЕНЕТИЧЕСКИХ ПОДГРУПП ВИРУСОВ ГРИППА А ПТИЦ НА ПРИМЕРЕ НРА1 / Н5 В СЕВЕРНОМ ПОЛУШАРИИ (1996-2017 ГГ.)

Кириллов И.М.¹, Щелканов М.Ю.²⁻⁵, Шестопалов А.М.⁵, Дерябин П.Г.¹,
Литвин К.Е.⁶, Львов Д.К.¹, Гаджиев А.А.⁷, Магомедова М.З.⁷

¹ Институт вирусологии им. Д.И. Ивановского Федерального научно-исследовательского Центра эпидемиологии и микробиологии имени почётного академика Н.Ф. Гамалеи Министерства здравоохранения Российской Федерации, Москва, Россия,

² Дальневосточный федеральный университет, Владивосток, Россия,

³ ФНЦ биоразнообразия наземной биоты Восточной Азии ДВО РАН, Владивосток, Россия,

⁴ ННЦ морской биологии ДВО РАН, 690091, Владивосток, Россия,

⁵ Научно-исследовательский институт экспериментальной и клинической медицины СО РАН, Новосибирск, Россия,

⁶ Институт проблем экологии и эволюции имени А.Н. Северцова РАН, Москва, Россия,

⁷ Институт экологии и устойчивого развития Дагестанского государственного университета, Махачкала, Россия

Резюме: В работе представлена экологическая модель формирования новых генетических подгрупп вирусов гриппа А на примере НРА1 / Н5 в северном полушарии за 1996-2017 годы.

Abstract: The paper presents an ecological model for the formation of new genetic subgroups of influenza A viruses by the example of НРА1 / Н5 in the northern hemisphere for the period of 1996-2017.

Ключевые слова: птицы, экологическая модель, вирус гриппа А, НРА1 / Н5

Keywords: bird, ecological model, influenza a viruses, НРА1 / Н5

Введение. Вирус гриппа А (*Orthomyxoviridae, Influenza A virus*), вызывающий опасные инфекционные заболевания человека и животных, является природноочаговым возбудителем заболеваний животных и людей, резервуар которого находится в популяциях птиц водно-околоводного экологического комплекса – в первую очередь, речных уток (*Anatidae, Anatinae*), чайковых (*Laridae*) и крачковых (*Sternidae*) [1-8].

Геном вируса гриппа А представлен 8 сегментами РНК негативной полярности: PB2, PB1, PA, HA, NP, NA, M, NS. Наибольший уровень генетической изменчивости демонстрируют HA и NA, кодирующие, соответственно, гемагглютинин и нейраминидазу. В настоящее время, известны штаммы 16 типов HA (H1–H16) и 9 типов NA (N1–N9). Из 144 теоретически возможных комбинаций типов HA и NA (субтипов) известны штаммы 115 субтипов, причём все обнаружены в популяциях диких птиц – в отличие от других хозяев [5, 7-11]. Варианты вирусов гриппа А птиц, имея аффинность рецептор-связывающего сайта HA к 2'-3'-сиалозидам, поражают, главным образом, эпителий кишечника птиц [6-8, 12]. Инфекция слабовирулентными (LPAI – low pathogenic avian influenza) вариантами этого вируса может протекать иннаппарантно или в форме неосложнённого энтерита. Высоковирулентные (HPAI – highly pathogenic avian influenza) варианты, связанные с подтипами HA / H5 и HA / H7, вызывают системное заболевание – классическую чуму птиц – при котором ведущими симптомами являются поражение нервной и сосудистой систем с уровнем падежа, приближающимся к 100 %. Молекулярным маркёром HPAI-фенотипа является обогащение сайта протеолитического нарезания HA базофильными аминокислотными остатками [7, 8, 10, 12]. Варианты вирусов гриппа А, адаптированные к млекопитающим, имея аффинность рецептор-связывающего сайта HA к 2'-6'-сиалозидам, поражают эпителий слизистой оболочки верхних отделов респираторного тракта. Штаммы с различной рецепторной специфичностью имеют различную структуру рецептор-связывающего сайта HA и могут обладать различными патогенетическими свойствами [5-8, 13-17].

Обсуждение. В основе возникновения новых вирусных вариантов лежат популяционные взаимодействия птиц водно-околоводного экологического комплекса – основных хозяев вируса гриппа А. Наиболее интенсивно селекция протекает в иммунных популяциях, после чего новые вирусные варианты амплифицируются, попадая в новые неиммунные популяции. Движущей силой формирования новых генетических подгрупп является асимметрия экологических условий циркуляции вируса в гнездовых и зимовочных ареалах диких птиц. В период миграций в местах остановок происходит массовый обмен вирусами среди птиц из разных популяций одного и того же и различных видов. На зимовках скапливается большое количество иммунных особей, уже проконтактировавших с вирусом. Это приводит к интенсивному генетическому дрейфу и появлению новых генетических вариантов, которые после весенней миграции попадают в гнездовые ареалы, селекционируются и амплифицируются в популяциях неиммунных сеголетних особей [1-10]. «Обширные пространства Северной Евразии можно сравнить с “кухней”, где циркулируют различные генотипы вирусов гриппа А, а Юго-Восточную Азию – со “столовой”, где происходит формирование высокопатогенных штаммов» [7, С. 82]. На рис. 1 сформулированная выше модель, впервые появившаяся в наиболее формализованном виде в работе [5], представлена в графическом виде.

Развитие молекулярно-генетических методов исследований, превратившихся в последнее десятилетие в рутинный инструмент современной вирусологии, позволяет детально проиллюстрировать предлагаемую экологическую модель формирования новых генетических подгрупп вирусов гриппа А птиц на примере распространения HPAI / H5 в Северном полушарии в период 1996-2017 гг., которое активно исследовалось отечественными учёными.

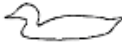




Первое документированное сообщение о появлении HPAI / H5N1 относится к 1996 г., когда во время эпизоотии на гусиной ферме в южнокитайской провинции Гуандун был изолирован высоковирулентный штамм вируса гриппа A/goose/Guangdong/1/1996 (H5N1) [18, 19]. Вплоть до 2005 г. эволюция этого вируса осуществлялась в экосистемах Юго-Восточной Азии [18], и он не обнаруживался на территории Северной Евразии, где в этот период циркулировали только LPAI [3-5, 7-10, 19-25].

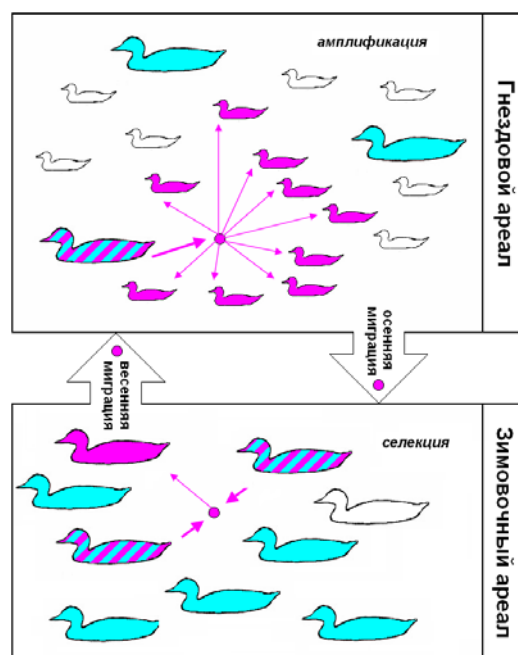
Увеличение генетического разнообразия в Юго-Восточной Азии происходило не только в группе HPAI / H5N1 / 2001 (которая не являлась изолированной), но и среди LPAI. Последнее было зафиксировано в ходе мониторинга гриппа А птиц осенью 2001 г. в пределах Дальневосточно-Притихоокеанского миграционного русла, когда на юге Приморского края были изолированы A/duck/Primorje/2633/2001 (H5N3) и A/duck/Primorje/2621/2001 (H5N2) [3, 25]. Это позволило отечественным специалистам предположить [25] приближение новой волны эпизоотии, связанной с HPAI / H5N1, в Юго-Восточной Азии. Действительно, на рубеже 2001-2002 гг. множественные реассортации привели к формированию новых генотипов [5, 7, 8, 19, 27, 28] (рис. 2).

В апреле 2005 г. на оз. Кукунор (КНР) вспыхнула эпизоотия, этиологически связанная с HPAI / H5N1 / H5 / 2.2 [29-31]. Вероятнее всего, зимой 2004-2005 гг. в западных областях Юго-Восточной Азии сформировались популяции зимующих диких птиц, обладающих достаточной устойчивостью к HPAI / H5N1, и во время весеннего перелёта 2005 г. вирусные штаммы начали своё перемещение на север вдоль Джунгарского миграционного русла, связывающего Юго-Восточную Азию со Средней Азией и Западной Сибирью [5, 7, 8, 19, 32]. Распространение HPAI / H5N1 / 2.2.1 Западносибирской подгруппы в Северной Евразии осенью 2005 г. [5, 7, 8, 32-38] происходило в южном и в юго-западном направлении, что привело к заносу вируса на юг Русской равнины (крупная эпизоотия была описана в дельте Волги [5, 7, 8, 19, 32, 39, 40]), в Черноморско-Прикаспийский регион, Европу, Закавказье, Ближний Восток и Африку. В результате циркуляции вируса в Западно- и Южно-Европейском зимовочном ареале сформировалась Западноевропейская подгруппа в составе 2.2.1. В зимовочном ареале в нижнем течении Нила (Египет) зимой 2005–2006 гг. появилась генетическая подгруппа 2.2.1. Egypt (рис. 2) [19, 41].

Рисунок 1. Схема формирования новых генетических вариантов вируса гриппа А вследствие асимметрии условий циркуляции вируса в популяциях птиц водно-околоводного экологического комплекса в их гнездовых (весна-лето) и зимовочных (осень-зима) ареалах.

Условные обозначения:

-  – интактная особь;
-  – инфицированная особь;
-  – инфицированная особь на фоне наличия противовирусных антител;
-  – иммунная особь;
-  – вирус гриппа А.



С 2008 г. эволюция подгруппы 2.2.1 сосредоточилась в Старом Свете – в дельте Нила, где не удалось остановить эпизоотию среди сельскохозяйственных птиц и надёжно предотвратить их популяционный взаимодействия с дикими – в результате сформировались новые подгруппы 2.2.1.1, 2.2.1.1.a, 2.2.1.2 (рис. 2) [19, 41]. Зимовочный ареал на п-ве Индостан в 2005-2006 гг. стал местом естественной селекции Тувинско-Сибирской подгруппы (2.2.2.1), которая амплифицировалась летом 2006 г. в Западной Сибири, предгорном Алтае и Котловине Больших озёр на западе Монголии [5, 7, 8, 19, 32, 40, 42, 43], а затем с мигрирующими птицами проникла в европейскую часть и закрепилась в Кубанско-Приазовской низменности [5, 7, 8, 19, 32, 40, 44]. В зимовочном ареале на территории Закавказья зимой 2005-2006 гг. выделилась генетическая подгруппа, позже названная Ирано-Северокавказской [5, 7, 8, 19, 32, 40, 45, 46].

В начале апреля 2008 г. НРАИ / H5N1 /2.3.2 проник на территорию Приморского края, вызвав локальную эпизоотию среди непривитых домашних птиц в с. Воздвиженка Уссурийского гор. окр. (отсюда и название «Уссурийская подгруппа») [5, 7, 8, 19, 32, 40, 47]. Уже тогда стало очевидно, что появилась «... возможность в обозримом будущем заражения в местах гнездования видов птиц, зимующих в Америке ...» [47, С. 8]. Штаммы Уссурийской подгруппы, изолированные весной 2008 г., – A/chicken/Primojje/1/2008 и A/Anas crecca/Primojje/8/2008 – оказались близки штаммам, изолированным ранее в южных провинциях Китая, Вьетнаме и Лаосе (рис. 2).

Позже штаммы из Юго-Восточной Азии 2004-2007 гг. сформировали подгруппу 2.3.2.1. В 2008-2009 гг. эта подгруппа разделилась на три части: эволюция НРАИ / H5N1 /2.3.2.1 в популяциях местных азиатских птиц привела к появлению подгруппы 2.3.2.1.a; проникновение одного из вариантов НРАИ / H5N1 /2.3.2.1 вдоль Дальневосточно-Притихоокеанского миграционного русла на Дальний Восток [47] (в том числе – через Японию [48]) и амплификация в гнездовом ареале на северо-востоке Сибири сформировали подгруппу, названную «Дальневосточно-Южнокитайская» [5, 7, 8, 19, 32], или 2.3.2.1.b; проникновение другого варианта НРАИ / H5N1 /2.3.2.1 вдоль Джунгарского пролётного русла в Котловину Больших Озёр и амплификация его в гнездовом ареале на западе Монголии привели к появлению «Западномонгольской подгруппы» (2.3.2.1.c). В 2009-2011 гг. подгруппа 2.3.2.1.b существенно эволюционировала, поэтому назрел вопрос о выделении более поздних штаммов 2.3.2.1.b в отдельную подгруппу (рис. 2).

Начиная с 2008 г. – в то время, как подгруппа 2.3.2 начала активно осваивать восточный сектор Северной Евразии – в Юго-Восточной Азии эта подгруппа стала активно вытесняться подгруппой 2.3.4. При этом, нумерация не соответствует хронологии их появления: сначала появилась 2.3.4.2, затем 2.3.4.4, 2.3.4.3 и 2.3.4.1; кроме того, существовавшая некоторое время подгруппа 2.3.4.6. была впоследствии сведена к 2.3.4.4 [19, 49].

Зимой 2013-2014 гг. эпизоотически важные генотипы НРАИ / H5N8 / 2.3.4.4 формировались в зимовочном ареале на территории Корейского п-ва [19, 50, 51]. Через Корейский п-в проходит Дальневосточно-Притихоокеанское миграционное русло, поэтому весной 2014 г. новый генотип НРАИ / H5N8 / 2.3.4.4 / <D3> проник в Юго-Восточную Азию. Кроме того, перезимовавшие на Корейском п-ве птицы широким веером разлетаются по территории Северной Евразии, где смешиваются в гнездовых ареалах с птицами других миграционных русел. Так, осенью 2014 г. генотип <D3> был обнаружен на оз Убусу-Нур [43], в Якутии [52], Нидерландах, Германии, Великобритании и Италии [53, 54]; миграции птиц в восточном направлении инициировали эпизоотический процесс в Японии [54], северном – в гнездовых ареалах Северо-Восточной Азии, откуда через Берингов пролив стала достижима территория Северной Америки осенью того же года [55] (рис. 2).

Занос НРАИ / H5 осенью 2014 г. в Калифорнийский зимовочный ареал произошёл вдоль Тихоокеанского миграционного русла диких пластинчатоклювых. Однако уже весной 2015 г., во время весенних миграций птиц по Североамериканскому континенту вирус обнаруживался вдоль других миграционных путей, в первую очередь, – Миссисипского [19, 56]. Поскольку мигранты из Северо-Восточной Азии составляют меньшинство в зимовочных ареалах птиц Северной Америки, то там ещё отсутствует значительная иммунная прослойка, которая только начала формироваться. Поэтому в 2014-2016 гг. в североамериканском зимовочном ареале и не происходило формирование новых НА-подгрупп, как это происходило и происходит в зимовочных ареалах на территории Старого Света.

Работа выполнена в рамках проекта РНФ 17-44-07001 «Прогнозирование распространения птичьего гриппа в России и Японии для предупреждения и контроля: роль Восточноазиатского-Австралийского пролётного пути в перемещении генов и реассортации вируса гриппа».

Библиографический список

1. Львов Д.К. Возможное значение природных биоценозов в изменчивости вируса гриппа А // Вопросы вирусологии. – 1974. – № 6. – С. 740–744.
2. Webster R.G., Bean W.J., Gorman O.T., et al. Evolution of influenza A virus // Microbiol. Rev. – 1992. – V. 56. – N 1. – P. 152–179.
3. Львов Д.К., Ямникова С.С., Федякина И.Т. и др. Экология и эволюция вирусов гриппа в России (1979-2002 гг.) // Вопросы вирусологии. – 2004. – Т. 49. – № 3. – С. 17–24.
4. Lvov D.K., Kaverin N.V. Avian influenza in Northern Eurasia // In: Avian influenza. Eds.: H.D. Klenk, M. Matrosovich, J. Steh. – Basel (Switzerland): Karger, 2008. – Ser. “Monographs in Virology”. – V. 27. – P. 41–58.
5. Щелканов М.Ю. Эволюция высоковирулентного вируса гриппа А (H5N1) в экосистемах Северной Евразии (2005–2009 гг.). – Дис. ... д.б.н. – М.: НИИ вирусологии им. Д.И. Ивановского РАМН, 2010. – 488 с.
6. Щелканов М.Ю., Колобухина Л.В., Львов Д.К. Грипп: история, клиника, патогенез // Лечащий врач. – 2011. – № 10. – С. 33–38.
7. Львов Д.К., ред. Руководство по вирусологии. Вирусы и вирусные инфекции человека и животных. – М.: МИА; 2013. – 1200 с.
8. Lvov D.K., Shchelkanov M.Yu., Alkhovsky S.V., Deryabin P.G. Zoonotic Viruses of Northern Eurasia. Taxonomy and Ecology. – Elsevier Academic Press, 2015. – 440 с.
9. Щелканов М.Ю., Федякина И.Т., Прошина Е.С. и др. Таксономическая структура Orthomyxoviridae: современное состояние и ближайшие перспективы // Вестник РАМН. – 2011. – № 5. – С. 12–19.
10. Щелканов М.Ю., Львов Д.К. Генотипическая структура рода Influenza A virus. Вестник РАМН. 2011; (5): 19–23.
11. Gulyaeva M., Sharshov K., Suzuki M., et al. Avian influenza A (H2N2) virus isolated from muskrat in Western Siberia // The Journal of Veterinary Medical Science. – 2017. – V. 79. – N 8. – P. 1–5.
12. Гамбарян А.С., Маринина В.П., Солодарь Т.А. и др. Различная рецепторная специфичность вирусов гриппа уток и кур и ее отражение в составе сиалозидов на хозяйских клетках и муцинах // Вопросы вирусологии. – 2006. – Т. 51. – № 4. – С. 24–32.
13. Львов Д.К., Яшкуллов К.Б., Прилипов А.Г. и др. Обнаружение аминокислотных замен аспарагиновой кислоты на глицин и глутаминовую кислоту в рецептор-связывающем сайте гемагглютинина в штамме пандемического вируса гриппа H1N1 от больных с летальным исходом и со среднетяжелой формой заболевания // Вопросы вирусологии. – 2010. – Т. 55. – № 3. – С. 15–18.
14. Львов Д.К., Бурцева Е.И., Прилипов А.Г. и др. Возможная связь летальной пневмонии с мутациями пандемического вируса гриппа А / H1N1 swl в рецептор-связывающем сайте субъединицы HA1 гемагглютинина // Вопросы вирусологии. – 2010. – Т. 55. – № 4. – С. 4–9.
15. Львов Д.К., Щелканов М.Ю., Бовин Н.В. и др. Корреляция между рецепторной специфичностью штаммов пандемического вируса гриппа А (H1N1) pdm09, изолированных в 2009-2011 гг., структурой рецептор-связывающего сайта и вероятностью развития летальной первичной вирусной пневмонии // Вопросы вирусологии. – 2012. – Т. 57. – № 1. – С. 14–20.
16. Лаврищева В.В., Бурцева Е.И., Хомяков Ю.Н. и др. Этиология летальных пневмоний в период развития пандемии, вызванной вирусом гриппа А (H1N1) pdm09 в России // Вопросы вирусологии. – 2013. – Т. 58. – № 3. – С. 17–21.
17. Колобухина Л.В., Меркулова Л.Н., Щелканов М.Ю. и др. Пандемический грипп в России: отличительные особенности клинического течения и отсутствие ранней этиотропной терапии как фактор риска развития тяжелых форм заболевания // Терапевтический архив. – 2011. – Т. 83. – № 9. – С. 48–53.
18. Xu X., Subbarao K., Cox N.J., Guo Y. Genetic characterization of the pathogenic influenza A/goose/Guangdong/1/96 (H5N1) virus: similarity of its hemagglutinin gene to those of H5N1 viruses from the 1997 outbreaks in Hong Kong. Virology. 1999; 261: 15–19.
19. Щелканов М.Ю., Кириллов И.М., Шестопалов А.М. и др. Эволюция вируса гриппа А / H5N1 (1996-2016) // Вопросы вирусологии. – 2016. – Т. 61. – № 6. – С. 245–256.
20. Разумова Ю.В., Щелканов М.Ю., Юрлов А.К. и др. Особенности циркуляции вирусов гриппа А в популяциях диких птиц на юге Западной Сибири // Журнал инфекционной патологии. – 2004. – Т. 11. – № 3–4. – С. 91–94.
21. Разумова Ю.В., Щелканов М.Ю., Дурьманова А.А., и др. Молекулярно-генетическое разнообразие вируса гриппа А в популяциях диких птиц на юге Западной Сибири // Вопросы вирусологии. – 2005. – Т. 50. – № 4. – С. 31–35.
22. Львов Д.К., Щелканов М.Ю., Дерябин П.Г. и др. Изоляция штаммов вируса гриппа А/H5N1 от домашних и диких птиц в период эпизоотии в Западной Сибири (июль 2005 г.) и их депонирование в Государственную Коллекцию вирусов РФ (08 августа 2005 г.) // Вопросы вирусологии. – 2006. – Т. 51. – № 1. – С. 11–14.
23. Шестопалов А.М., Золотых С.И., Щелканов М.Ю. и др. Результаты двухлетнего обследования диких птиц на территории Западной Монголии на присутствие вируса гриппа // ЖМЭИ. – 2006. – N 5. – С. 55–59.
24. Разумова Ю.В., Щелканов М.Ю., Золотых С.И. и др. Результаты мониторинга вируса гриппа А в популяциях диких птиц на юге Западной Сибири (данные 2003 г.) // Вопросы вирусологии. – 2006. – Т. 51. – № 3. – С. 32–37.
25. Щелканов М.Ю., Ананьев В.Ю., Львов Д.Н. и др. Комплексный эколого-вирусологический мониторинг на территории Приморского края (2003-2006) // Вопросы вирусологии. – 2007. – Т. 52. – № 5. – С. 37–48.
26. Lvov D.K., Yamnikova S.S., Fedyakina I.T., et al. Evolution of H4, H5 influenza A viruses in natural ecosystems in Northern Eurasia // In: Options for the Control of Influenza. Elsewhere, 2004. – P. 169–173.
27. Li K.S., Guan Y., Wang J., et al. Genesis of a highly pathogenic and potentially pandemic H5N1 influenza virus in eastern Asia // Nature. – 2004. – V. 430. – P. 209–213.
28. Gutierrez R.A., Naughtin M.J., Horm S.V., et al. A (H5N1) virus evolution in South East Asia // Viruses. – 2009. – N 1. – P. 335–361.
29. Chen H., Smith G.J.D., Zhang S.Y., et al. Avian flu: H5N1 virus outbreak in migratory waterfowl // Nature. – 2005. – V. 436. – P. 191–192.
30. Liu J., Xiao H., Lei F., et al. Highly pathogenic H5N1 influenza virus infection in migratory birds // Science. – 2005. – V. 309. – P. 1206.
31. Chen H., Li Y., Li Z., et al. Properties and dissemination of H5N1 viruses isolated during an influenza outbreak in migratory waterfowl in Western China // J. Virol. – 2006. – V. 80. – N 12. – P. 5976–5983.
32. Lvov D.K., Shchelkanov M.Yu., Prilipov A.G., et al. Evolution of HPAI H5N1 virus in natural ecosystems of Northern Eurasia (2005-2008) // Avian Dis. – 2010. – V. 54. – P. 483–495.
33. Щелканов М.Ю., Власов Н.А., Киреев Д.Е. и др. Клинические признаки заболевания у птиц, вызванного высокопатогенными вариантами вируса гриппа А/H5N1, в эпицентре эпизоотии на юге Западной Сибири (июль 2005 г.) // Журнал инфекционной патологии. – 2005. – Т. 12. – № (3–4). – С. 121–124.
34. Львов Д.К., Щелканов М.Ю., Дерябин П.Г. и др. Изоляция штаммов вируса гриппа А/H5N1 от домашних и диких птиц в период эпизоотии в Западной Сибири (июль 2005 г.) и их депонирование в Государственную Коллекцию вирусов РФ (08 августа 2005 г.) // Вопросы вирусологии. – 2006. – Т. 51. – № 1. – С. 11–14.
35. Онищенко Г.Г., Шестопалов А.М., Терновой В.А. и др. Выявление в Западной Сибири высокопатогенных H5N1-вирусов гриппа, генетически родственных вирусам, циркулирующим в Юго-Восточной Азии в 2003-2005 гг. // Доклады РАН. Серия биологическая. – 2006. – Т. 406. – № 2. – С. 278–280.
36. Shestopalov A.M., Durimanov A.G., Evseenko V.A., et al. H5N1 influenza virus, domestic birds,

Western Siberia, Russia // *Emerg. Infect. Dis.* – 2006. – V. 12. – N 7. – P. 1167–1169. 37. Львов Д.К., Прилипов А.Г., Щелканов М.Ю., и др. Молекулярно-генетический анализ биологических свойств высокопатогенных штаммов вируса гриппа А / H5N1, изолированных от диких и домашних птиц в период эпизоотии в Западной Сибири (июль 2005 г.) // *Вопросы вирусологии.* – 2006. – V. 51. – N 2. – P. 15–19. 38. Львов Д.К., Федякина И.Т., Щелканов М.Ю. и др. Действие *in vitro* противовирусных препаратов на репродукцию высокопатогенных штаммов вируса гриппа А/H5N1, вызвавших эпизоотию среди домашних птиц летом 2005 г. // *Вопросы вирусологии.* – 2006. – T. 51. – № 2. – С. 20–22. 39. Львов Д.К., Щелканов М.Ю., Дерябин П.Г. и др. Эпизоотия среди лебедей-шипун (Cygnus olor) в нижней дельте Волги (ноябрь 2005 г.), вызванная высокопатогенным вирусом гриппа А / H5N1 // *Вопросы вирусологии.* – 2006. – T. 51. – № 3. – С. 10–16. 40. Щелканов М.Ю., Прилипов А.Г., Львов Д.К., и др. Динамика вирулентности штаммов высоковирулентного вируса гриппа А H5N1 генотипа 2.2, изолированных на территории России в 2005–2007 гг. // *Вопросы вирусологии.* – 2009. – T. 54. – № 2. – С. 8–17. 41. Scotch M., Mei C., Makonnen Y.J., et al. Phylogeography of influenza A H5N1 clade 2.2.1.1 in Egypt // *BMC Genomics.* – 2013. – V. 14. – P. 871. 42. Львов Д.К., Щелканов М.Ю., Дерябин П.Г. и др. Изоляция высокопатогенных (HPAI) штаммов вируса гриппа А/H5N1 от диких птиц в очаге эпизоотии на озере Убсу-Нур (июнь 2006 г.) и их депонирование в Государственную Коллекцию вирусов РФ (03 июля 2006 г.) // *Вопросы вирусологии.* – 2006. – T. 51. – № 6. – С. 14–18. 43. Шестопалов А.М., Шаршов К.А., Соболев И.А. и др. Итоги многолетнего мониторинга вируса гриппа А птиц на озере Убсу-Нур // Юг России: экология, развитие. – 2016. – T. 11. – № 3. – С. 106–119. 44. Львов Д.К., Щелканов М.Ю., Дерябин П.Г. и др. Эпизоотия среди диких и домашних птиц, вызванная высоковирулентным вирусом гриппа А / H5N1 генотипа 2.2 (Цинхай-Сибирский) на пути осенних миграций в северо-восточной части бассейна Азовского моря (Краснодарский край) // *Вопросы вирусологии.* – 2008. – T. 53. – № 2. – С. 14–19. 45. Львов Д.К., Щелканов М.Ю., Прилипов А.Г. и др. Молекулярно-генетическая характеристика штамма A/chicken/Moscow/2/2007 (H5N1) из очага эпизоотии высокопатогенного гриппа А среди сельскохозяйственных птиц в Подмосковье (февраль 2007 г.) // *Вопросы вирусологии.* – 2007. – T. 52. – № 6. – С. 40–47. 46. Львов Д.К., Щелканов М.Ю., Прилипов А.Г. и др. Расшифровка эпизоотической вспышки среди диких и домашних птиц на юге европейской части России в декабре 2007 г. // *Вопросы вирусологии.* – 2008. – T. 53. – № 4. – С. 18–23. 47. Львов Д.К., Щелканов М.Ю., Власов Н.А. и др. Первый прорыв нового для России генотипа 2.3.2 высоковирулентного вируса гриппа А / H5N1 на Дальнем Востоке // *Вопросы вирусологии.* – 2008. – T. 53. – № 5. – С. 4–8. 48. Uchida Y., Mase M., Yoneda K., et al. Highly pathogenic avian influenza virus (H5N1) isolated from whooper swans, Japan // *Emerg. Infect. Dis.* – 2008. – V. 14. – N 9. – P. 1427–1429. 49. Smith G.J.D., Donis R.O., WHO/OIE/FAO H5 Evolution Working Group. Nomenclature updates resulting from the evolution of avian influenza A (H5) virus clades 2.1.3.2.a, 2.2.1, and 2.3.4 during 2013–2014 // *Influenza and Other Respiratory Viruses.* – 2015. – V. 9. – N 5. – P. 271–276. 50. Lee Y.-J., Kang H.M., Lee E.-K., et al. Novel Reassortant Influenza A(H5N8) Viruses, South Korea, 2014 // *Emerg. Infect. Dis.* – 2014. – V. 20. – N 6. – P. 1087–1089. 51. Kang H.-M., Lee E.-K., Song B.-M., et al. Novel Reassortant Influenza A(H5N8) Viruses among Inoculated Domestic and Wild Ducks, South Korea, 2014 // *Emerg. Infect. Dis.* – 2014. – V. 21. – N 2. – P. 298–304. 52. Marchenko V.Y., Susloparov I.M., Kolosova N.P., et al. Influenza A (H5N8) virus isolation in Russia, 2014 // *Arch. Virol.* – 2015. – V. 160. – N 11. – P. 2857–2860. 53. Adlhoch C., Gossner C., Koch G., et al. Comparing introduction to Europe of highly pathogenic avian influenza viruses A (H5N8) in 2014 and A (H5N1) in 2005 // *Euro Surveill.* – 2014. – V. 19. – P. 20996. 54. Bouwstra R.J., Koch G., Heutink R., et al. Phylogenetic analysis of highly pathogenic avian influenza A(H5N8) virus outbreak strains provides evidence for four separate introductions and one between-poultry farm transmission in the Netherlands, November 2014 // *Euro Surveill.* – 2015. – V. 20. – N 26. P. 21174. 55. Winker K., McCracken K.G., Gibson D.D., et al. Movements of Birds and Avian Influenza from Asia into Alaska // *Emerg. Infect. Dis.* – 2007. – V. 13. – N 4. – P. 547–552. 56. Clement T., Kutish G.F., Nezworski J., et al. Complete genome sequence of a highly pathogenic avian influenza virus (H5N2) associated with an outbreak in commercial chickens, Iowa, USA, 2015 // *Genome Announcements.* – 2015. – V. 3. – N 3. – P. e00613-15.

УДК: 595.733

НЕКОТОРЫЕ ОСОБЕННОСТИ РАСПРЕДЕЛЕНИЯ И ЭКОЛОГО-БИОЛОГИЧЕСКИЕ ВОЗМОЖНОСТИ ЛИЧИНОК СТРЕКОЗ (ODONATA) К ОБИТАНИЮ В ГОРНОЙ ЗОНЕ КБР

Козьминов С.Г., Рамазанова И.Х.

*Кабардино-Балкарский государственный университет имени Х.М. Бербекова, Нальчик, Россия,
s_g_k@mail.ru*

Резюме: Изучены некоторые особенности распределения личинок стрекоз в горной зоне Кабардино-Балкарской республики, эколого-биологические особенности видов заселяющих водные станции гор, адаптационные механизмы к прохождению всего жизненного цикла стрекозами от яйца до имаго. Определено личиночное население, фоновые виды, биотопическая приуроченность и естественная кормовая база преимагинальной стадии. Выявлено, что личиночное сообщество стрекоз состоит из видов различных по происхождению, распространению, которые определяют горную территорию как область пересечения естественного пространственного движения стрекоз и формирования здесь собственного населения личинок стрекоз. Основу сообщества личинок гор образует *Ae. cyanea* Muller. Ограничением распространения личинок в горах является низкий температурный режим и естественная кормовая база в течение всего вегетационного периода. Самыми благоприятными биотопами для обитания личинок стрекоз являются тепловодные станции с участками заболоченной местности, присутствием разнообразной растительности и богатой естественной кормовой базой.

Abstract: Some specific features of the distribution of dragonfly larvae in the mountainous zone of the Kabardino-Balkarian Republic, ecological and biological features species inhabiting aquatic habitats of the mountains, adaptive mechanisms to the passage of the entire life cycle of dragonflies from egg to adult imago. Defined larval population, background species biotopical and natural food base immature stage. It was revealed that the larval dragonflies community is made up of different types of origin, spread, which define the mountain territory as an area of intersection of the natural three-dimensional motion of dragonflies and the formation of its own population here dragonfly larvae. The basis of the mountains larvae community forms *Ae. cyanea* Muller. Limiting the spread of the larvae in the mountains is the low temperature and the natural food supply throughout the growing season. The most favorable habitats for dragonflies larvae habitats are warm-water habitats from wetland areas, varied vegetation and the presence of rich natural fodder base.

Ключевые слова: Odonata, стрекозы, личинки, сообщество, биотопическое распределение, численность, факторы среды, биотопы

Keywords: Odonata, dragonfly, larvae, community, habitat distribution, population, environmental factors, habitats