

Русское общество сохранения и изучения птиц имени М.А. Мензбира
Тверской государственной университет
Тверской филиал Московского гуманитарно-экономического университета
Зоологический институт РАН
Московский государственный университет имени М.В. Ломоносова



ПЕРВЫЙ ВСЕРОССИЙСКИЙ ОРНИТОЛОГИЧЕСКИЙ КОНГРЕСС

29 января – 4 февраля 2018 г.
г. Тверь, Россия

Тезисы докладов

Тверь, 2018



ТВЕРЬ, 29 ЯНВАРЯ — 4 ФЕВРАЛЯ 2018 Г.

МОДЕЛЬ СМЕНЫ ГЕНЕТИЧЕСКИХ ПОДГРУПП ВИРУСОВ ГРИППА А / H5N1 ПТИЦ В СЕВЕРНОМ ПОЛУШАРИИ (1996–2017 гг.)

И.М. Кириллов¹, М.Ю. Щелканов^{2,3,4}

¹ Федеральний научно-исследовательский Центр эпидемиологии и микробиологии имени почётного академика Н.Ф. Гамалеи, г. Москва, Россия

² Федеральний научный центр биоразнообразия наземной биоты Восточной Азии ДВО РАН, г. Владивосток, Россия

³ Дальневосточный федеральный университет, г. Владивосток, Россия

⁴ Национальный научный центр морской биологии ДВО РАН, г. Владивосток, Россия
iliyakirillov@yandex.ru

Геном вируса гриппа А представлен 8 сегментами РНК негативной полярности. Наибольший уровень генетической изменчивости демонстрируют HA и NA, кодирующие, соответственно, гемагглютинин и нейраминидазу. В настоящее время известны штаммы 16 типов HA (hemagglutinin — гемагглютинин) (H1–H16) и 9 типов NA (neuraminidase — нейраминидаза) (N1–N9).

Сопоставление результатов молекулярно-генетического и эколого-вирусологического мониторинга HPAI (highly pathogenic avian influenza — высоковирулентного вируса гриппа птиц) субтипа H5N1 в 1996–2017 гг. позволяет сделать заключение, что в основе возникновения новых вирусных вариантов лежат популяционные взаимодействия птиц водно-околоводного экологического комплекса. 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 разных 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.

По описанному выше механизму исходный вариант HPAI / H5N1 / <0> в результате многочисленных реассортаций привёл сначала (1996–1997 гг.) к появлению генотипов <A> – <E>, <X₀>, <W>. На рубеже 2001 и 2002 гг. реассортации между и <X₀> привели к формированию <Z> и <Z⁺>, а , <D> и <X₀> – <Y>. В 2003 г. <Z> породил <V>, в 2004 г. — <G>. К концу 2004 г. <Z> начинает доминировать, и весной 2005 г. HPAI / H5N1 / <Z> / H5J 2.2 проникает на северо-запад КНР, вызвав эпизоотическую вспышку на о. Цинхай, и юг Западной Сибири, где дал начало так называемой Западносибирской подгруппе. Вирусы, распространявшиеся по миграционным путям диких птиц осенью 2005 г., продолжали принадлежать Западносибирской подгруппе. Однако уже в начале 2006 г. в Западно- и Южно-Европейском зимовочном ареале сформировалась Западноевропейская подгруппа, которая весной 2006 г. регистрировалась в европейской части России. В нижнем течении Нила (Египет) зимой 2005–2006 гг. появилась генетическая подгруппа 2.2.1. Egypt, которая быстро распространилась среди кур. На полуострове Индостан зимой 2005–2006 гг. отселектировалась Тувинско-Сибирская подгруппа (2.2.2.1), которая амплифицировалась летом 2006 г. в Западной Сибири, предгорном Алтае и Котловине Больших озёр на западе Монголии. В зимовочном ареале на территории Закавказья, включая южное побережье Каспийского моря и Ближний Восток, зимой 2005–2006 гг. выделилась генетическая подгруппа, позже названная Ирано-Северокавказской. В начале апреля 2008 г. вирус HPAI / H5N1 / 2.3.2 (Уссурийская подгруппа) проник на территорию юга Приморского края. Позже штаммы из Юго-Восточной Азии 2004–2007 гг. сформировали подгруппу 2.3.2.1. В 2008–2009 гг. эта подгруппа разделилась на три: 2.3.2.1.а-с. Зимой 2013–2014 гг. на территории Корейского полуострова сформировалась подгруппа HPAI / H5JN8 / 2.3.4.4 в составе двух генотипов: <G1> в курах и <D3> в диких пластинчатоклювых. В ноябре 2014 г. на западном побережье Канады был обнаружен HPAI / H5JN2/2.3.4.4, представляющий собой реассортант (<AmN2>) евразийского генотипа <D3> и американских LPAI (вследствие чего подгруппа получила название «Евразийско-Американская»). В этот же период в штате Вашингтон был изолирован <AmN1> — реассортант <D3> и местных штаммов. Таким образом, на территории Северной Америки присутствуют три различных генотипа HPAI / H5J: <D3>, <AmN1> и <AmN2>.

Предложенная экологическая модель формирования новых генетических подгрупп позволяет оптимизировать мониторинг НРАИ.

ГЕОГРАФИЧЕСКАЯ ИЗМЕНЧИВОСТЬ ПЕСНИ ЗЯБЛИКА

И.В. Кисляков, В.В. Иваницкий

Биологический факультет МГУ имени М.В. Ломоносова, г. Москва, Россия
ilyakislyakov@yandex.ru

Зяблик (*Fringilla coelebs*) — удобный модельный объект для изучения процессов внутри- и межпопуляционной дифференциации песни. Для этого вида характерна раздельная манера пения и ярко выраженная типологическая организация песни. Каждую отдельную (единичную) песню отличает чёткая структура: слоги константны по форме, одинаковые слоги следуют друг за другом, организуя так называемые фразы (Slater, Ince, 1979). Хорошо различаются стереотипные типы песен: от 1 до 5 в индивидуальном репертуаре, популяционные репертуары включают десятки типов песен (Симкин, 1983). Применительно к зяблику иногда употребляется понятие «вокального диалекта» как территориального комплекса типов песни (Яблоновская-Грищенко, 2007).

В 2014–2017 гг. мы изучали влияние фрагментации среды и высокой зашумлённости на внутривидовую дифференциацию песни зяблика, а также её географическую изменчивость. Для анализа данных использовали кластерный анализ и многомерное шкалирование. Первая часть работы проводилась в парковых зонах Москвы, а также лесных массивах Подмосковья и не показала биоакустической дифференциации, соответствующей фрагментированной структуре среды обитания.

Однако полученные данные подтверждают гипотезу сдвига частотного диапазона пения птиц в ответ на воздействие городского шума, начиная с уровня 55 дБ (повышение средней минимальной частоты на 200 Гц). Достоверные различия получены для трёх последовательных трелевых компонентов песни зяблика — фраз (тест Манн-Уитни, $P < 0,01$). При дальнейшем повышении уровня шума положительной корреляции с минимальной частотой не наблюдается.

Выявилась также положительная корреляция числа фраз в основной части песни и её популярности (по числу записанных особей и числу точек, в которых была записана песня данного типа; непараметрический тест Спирмена, $P > 0,05$).

При составлении каталога типов песен зяблика города Москвы выявилось 42 типа песен, причём при дальнейшей работе в Московской области обнаружилось лишь 2 новых типа и 3 вариации уже описанных типов.

В дальнейшем были записаны вокализации зяблика в более удалённых районах, не менее 40 особей на точку записи (как показывает опыт, объём выборки, необходимый для относительно полного выявления репертуара локального поселения зябликов, — 30 самцов, хотя в Москве было записано более 700 особей). Таким образом обследованы Дарвинский (Вологодская обл.), Пинежский (Архангельская обл.) и Центрально-Чернозёмный (Курская обл.) заповедники, окрестности посёлка Никитино (Костромская обл.) и городские парки г. Ростова-на-Дону. В Вологодской области зарегистрированы 23 «московских» типа песни и 6 новых; в Архангельской — 14 «московских» и 4 новых (с частичным перекрытием с Дарвинским заповедником); в Курской — 16 «московских» и 15 новых; в Никитино — 16 «московских» типов. В Ростове-на-Дону встречаются лишь три «московских» типа, остальные 8 почти уникальны. Такие различия между групповыми репертуарами позволяют провести кластерный анализ, который с высокой бутстреп-поддержкой визуализирует географическую изменчивость песни. Выявлена корреляция между матрицей попарного сходства между пунктами записи (коэффициент Bray-Curtis) и матрицей физических расстояний, вычисленной по географическим координатам (Мантел-тест; $R = 0,7$).

Ранее в ходе сравнения репертуаров зябликов, песни которых были записаны в России, и зябликов различных областей Украины мы показали, что протяжённость ареала по крайней мере некоторых типов песен можно оценить как минимум в 1000 км (Кисляков, Иваницкий, 2017). Вместе с тем, между репертуарами зябликов на обследованных территориях не обнаружено достоверных различий в количественных параметрах песен одного типа, таких как длина, минимальная и максимальная частота элементов