

Вклад отечественной цитогенетики в разработку системы видов млекопитающих

В.Н. Орлов¹, Е.А. Ляпунова², М.И. Баскевич¹,
И.В. Картавецца³, В.М. Малыгин⁴, Н.Ш. Булатова¹

¹Институт проблем экологии и эволюции имени А.Н. Северцова РАН, Москва.
E-mail: bulatova.nina@gmail.com

²Институт биологии развития имени Н.К. Кольцова РАН, Москва.

³Биолого-почвенный институт Дальневосточного отделения РАН,
Владивосток. ⁴Биологический факультет Московского государственного университета
им. М.В. Ломоносова, Москва.

Использование цитогенетических методов во многом изменило систему видов млекопитающих, первоначально основанную исключительно на морфологических подходах. Начиная с 1960-х годов классический цитогенетический анализ и развитие методов дифференциальной окраски хромосом, а в дальнейшем молекулярно-цитогенетический анализ, последовательно повышали разрешающие уровни цитогенетической дифференциации для изучения вопросов реорганизации генома и видообразования на основе хромосомных перестроек. Одновременно создавались коллекции митотических и мейотических хромосом, на базе которых удалось показать, что многие виды, традиционно считавшиеся большими политипическими, представляют собой комплексы морфологически сходных, но генетически хорошо различимых и репродуктивно изолированных видов. Выявление криптических видов (скрытых видов-двойников) – необходимое звено в описании биологического разнообразия, и в то же время привлекает внимание к обсуждению на новом уровне концепций вида и видообразования.

Вклад отечественной цитогенетики в разработку хромосомных диагнозов и системы видов млекопитающих рассмотрен нами в обзоре, посвященном 50-летию Териологического общества при РАН. На материалах цитогенетических коллекций нескольких лабораторий с давней историей исследования хромосом млекопитающих проведен таксономический анализ большинства родов млекопитающих на территории бывшего Советского Союза в тесной кооперации и с использованием основных зоологических коллекций в нашей стране. В настоящее время применение молекулярно-цитогенетических методов (FISH) дает возможность установления гомологии больших сегментов генома, плеч хромосом и целых хромосом, а также выявления точечных признаков, обнаруживающих внутривидовую генетическую дифференциацию на хромосомах на уровне ДНК.

Для внутривидовой таксономии и микроэволюционных исследований крайне важно использование хромосомных перестроек как показателей гибридных нарушений, которые могут вести к возникновению репродуктивной изоляции, а также как критериев монофилетического происхождения групп популяций. При этом появляется возможность сопоставить фенотипическое сходство популяций и их родство и оценить роль прошлой эволюции вида в формировании его современной географической изменчивости. Совершенствование системы видов млекопитающих означает повышение качества оценки видового разнообразия в экосистемах, которое рассматривается как один из трех важнейших уровней биологического разнообразия. Работа выполнена в рамках Госзадания лаборатории эволюционной зоологии и генетики ФНЦ Биоразнообразия ДВО РАН № 121031500274-4 и Госзаданий ИБР РАН № ГЗ 0088-2021-0019 и ИПЭЭ РАН № FFER-2021-0003.

Вторая всероссийская конференция «Зоологические коллекции как источник генетических ресурсов мировой фауны – классические и современные подходы к их изучению, хранению и использованию», Санкт-Петербург, Зоологический институт РАН, 27 июня 2023 г.: Программа и тезисы докладов. – Санкт-Петербург: ЗИН РАН, 2023. – 56 с.

Конференция проводится в составе Второго научного форума «Генетические ресурсы России» в рамках гранта в форме субсидии из федерального бюджета на реализацию отдельных мероприятий Федеральной научно-технической программы развития генетических технологий на 2019–2027 годы (II очередь. Биоресурсные коллекции), номер соглашения: 075-15-2021-1069, «Развитие крупнейшей биоресурсной коллекции России на базе Уникальной фондовой коллекции Зоологического института РАН: изучение, рациональное использование и ответственное хранение генетических ресурсов мировой фауны».

Издание предназначено для зоологов, работающих в области экологии, морфологии и систематики, а также для микробиологов, генетиков, цитологов, студентов биологических специализаций и преподавателей биологических факультетов высших учебных заведений.

Second All-Russian conference "Zoological collections as the source of genetic resources of the world fauna – classical and modern approaches to its study, storage and use", St. Petersburg, Zoological Institute RAS, June 27, 2023.: Program and abstracts. – St. Petersburg: ZIN RAS, 2023. – 56 p.

The conference is held within the framework of the Second Scientific Forum "Genetic Resources of Russia" funded by a grant in the form of a subsidy from the federal budget for the implementation of certain activities of the Federal Scientific and Technical Program for the Development of Genetic Technologies for 2019–2027 (Second stage. Bioresource collections), contract number: 075-15-2021-1069, "Development of the largest bioresource collection in Russia on the basis of the Unique Fund Collection of the Zoological Institute, Russian Academy of Sciences: study, rational use and responsible storage of the genetic resources of world fauna".

The publication is intended for zoologists working in the field of ecology, morphology, and taxonomy, as well as microbiologists, geneticists, cytologists, students specializing in biology and lecturers of biological faculties.

Организация и проведение конференции осуществляются при финансовой поддержке спонсора — ООО «Фирма «Сатурн», г. Пермь



**Министерство науки и высшего образования Российской Федерации
Зоологический институт Российской академии наук**

**Вторая всероссийская конференция
«Зоологические коллекции как источник генетических ресурсов
мировой фауны – классические и современные подходы к их изучению,
хранению и использованию»**

27 июня 2023 г.
Зоологический институт РАН
Санкт-Петербург

ПРОГРАММА И ТЕЗИСЫ ДОКЛАДОВ

Санкт-Петербург ✧ 2023