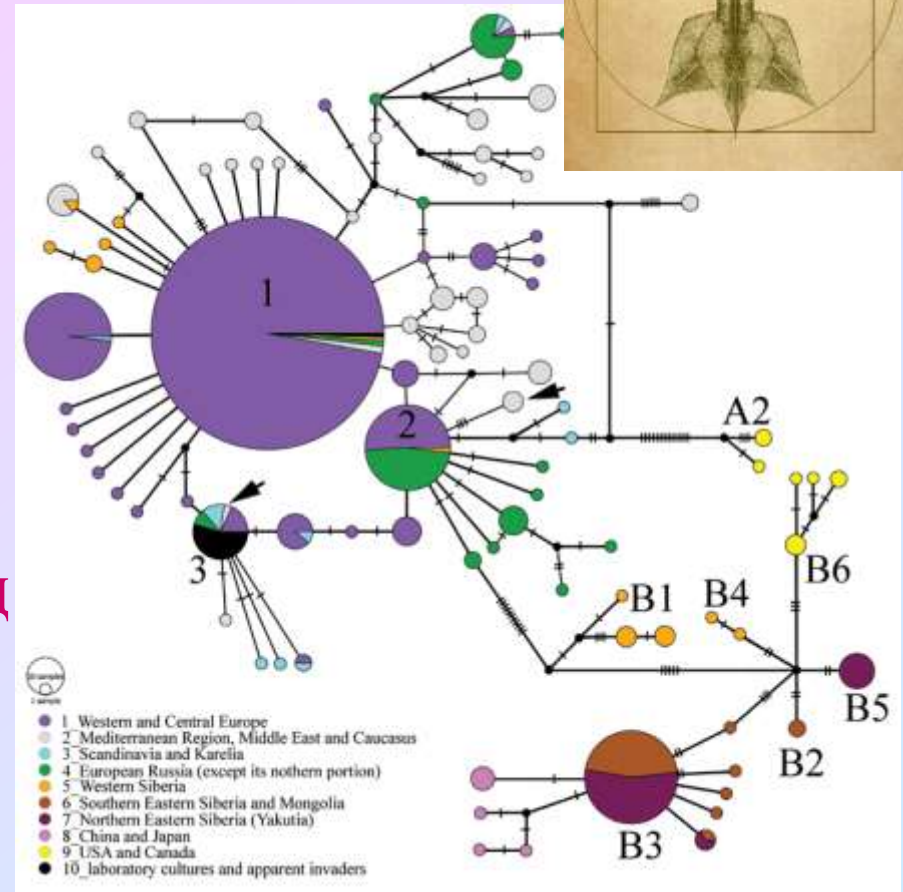


ТРЕТЬЯ НАУЧНАЯ ШКОЛА МОЛОДЫХ УЧЕНЫХ И СПЕЦИАЛИСТОВ ПО РЫБНОМУ ХОЗЯЙСТВУ И ЭКОЛОГИИ С МЕЖДУНАРОДНЫМ УЧАСТИЕМ, ПОСВЯЩЕННАЯ 140-ЛЕТИЮ СО ДНЯ РОЖДЕНИЯ К.М. ДЕРЮГИНА  
«ПЕРСПЕКТИВЫ РЫБОЛОВСТВА И АКВАКУЛЬТУРЫ В СОВРЕМЕННОМ МИРЕ»



**Филогеографический подход к районированию континентальных вод Северной Евразии: ветвистоусые ракообразные как модельная группа**



**А.А. Котов, Е.И. Беккер, Д.П. Карабанов**

**Институт проблем экологии и эволюции РАН  
Лаборатория экологии водных сообществ и инвазий**



# Что такое биогеография?

Биогеография — наука на стыке биологии и географии; изучает закономерности географического распространения и распределения животных, растений и микроорганизмов.

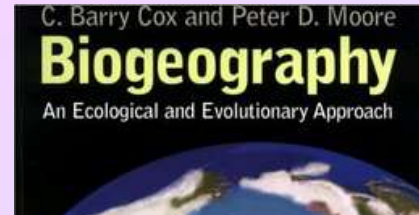
Предметами изучения биогеографии являются как распространение биоценозов, то есть географически обусловленных совокупностей живых организмов, так и характер фауны и флоры отдельных территорий.

(из Википедии)



# What is Biogeography?

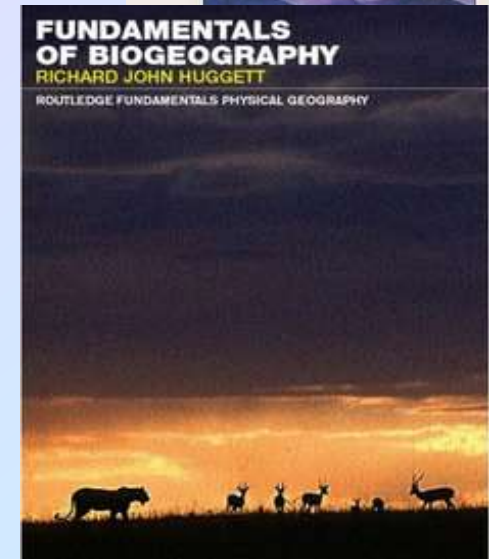
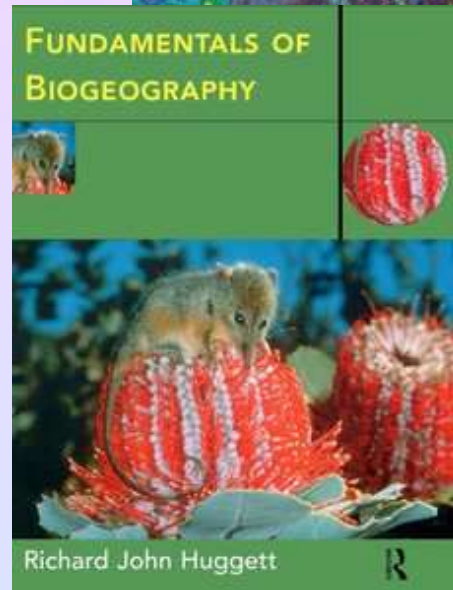
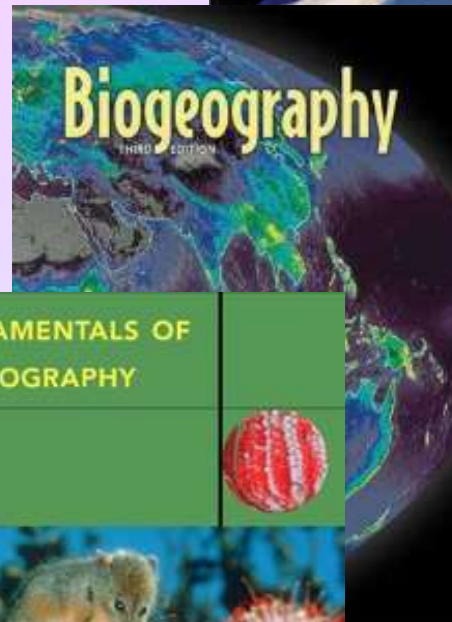
**Biogeography** — is a science on the boundary between biology and geography...



**BIOGEOGRAPHY**  
An Ecological and Evolutionary Approach

GLEN MACDONALD

**BIOGEOGRAPHY**  
*Introduction to Space, Time and Life*



# Отличия

Отечественная биогеография – набор разнообразных, часто противоречащих друг другу, неформализируемых подходов декларирующих «всестороннее» изучение

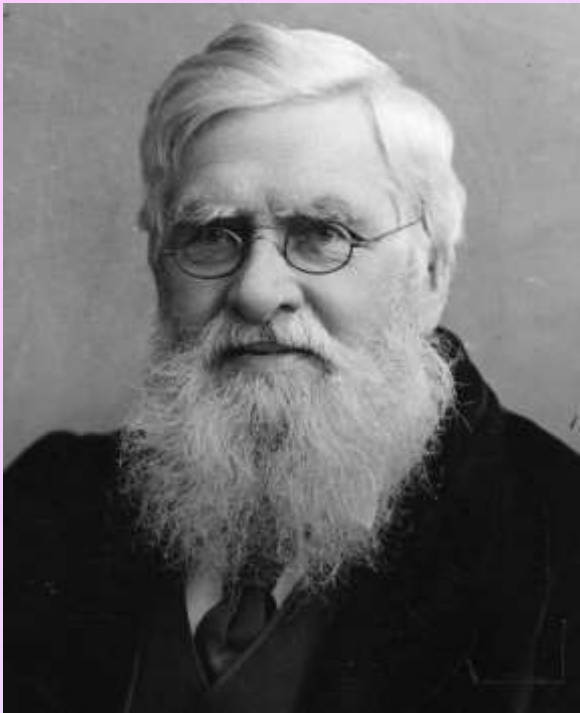
«Западная» биогеография – набор ограниченного числа подходов, выбираемых по принципу возможности формализируемости



На самом деле, это «германская» и «англосаксонская» науки



# Исторический подход к биогеографии – «биогеографическая динамика»



Alfred Russel Wallace  
1823-1913

**Подход восходит  
к А. Уоллесу**

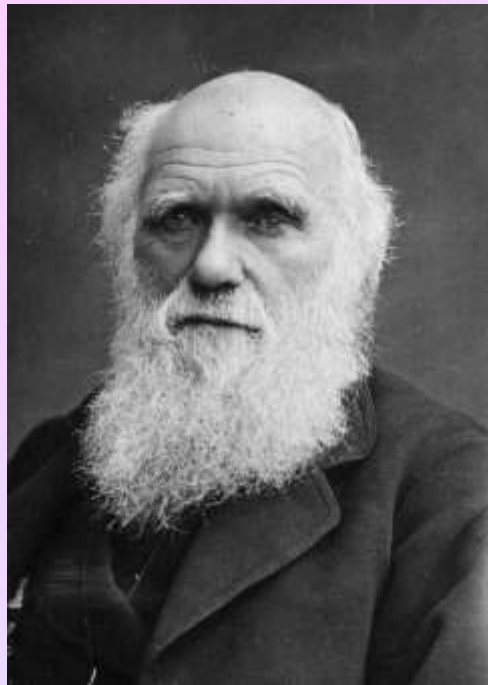
**МНОГИЕ УЧЕНЫЕ XX ВЕКА  
ВНЕСЛИ РАЗНООБРАЗНЫЙ,  
И ОЧЕНЬ ВАЖНЫЙ ВКЛАД**



**Борис Карлович Штегман  
1898-1975**

# Что такое филогеография?

направление, объединяющее "генные генеалогии (филогенетические деревья) и пространственные паттерны" (Абрамсон, 2007)



Charles Robert Darwin,  
1809-1882

\*Идея **МЕТОДОЛОГИИ** не нова – Ч. Дарвин предлагал интерпретировать эволюционные деревья в биogeографическом контексте.

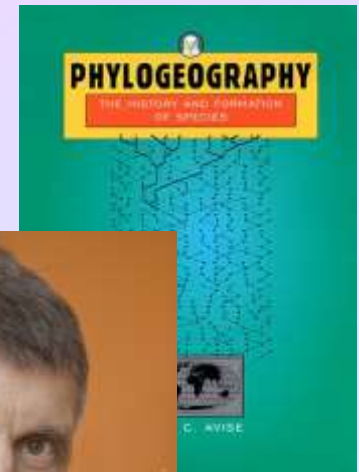
\* Термин ввел Авис в 1987 г.

\* Несомненно, это западный «продукт» в рамках «англосаксонского» подхода



John Charles Avise,  
born 1948

Avise, J.C.; J Arnold; R M Ball; E Bermingham; T Lamb; J E Neigel; C A Reeb; N C Saunders (1987). "Intraspecific Phylogeography: The Mitochondrial DNA Bridge Between Population Genetics and Systematics". Annual Review of Ecology and Systematics. 18: 489–522.



# «Другая» биогеография



≠



# Немыслимое преимущество пресноводных беспозвоночных как объектов биогеографии, популяционной биологии, генетики и пр.!

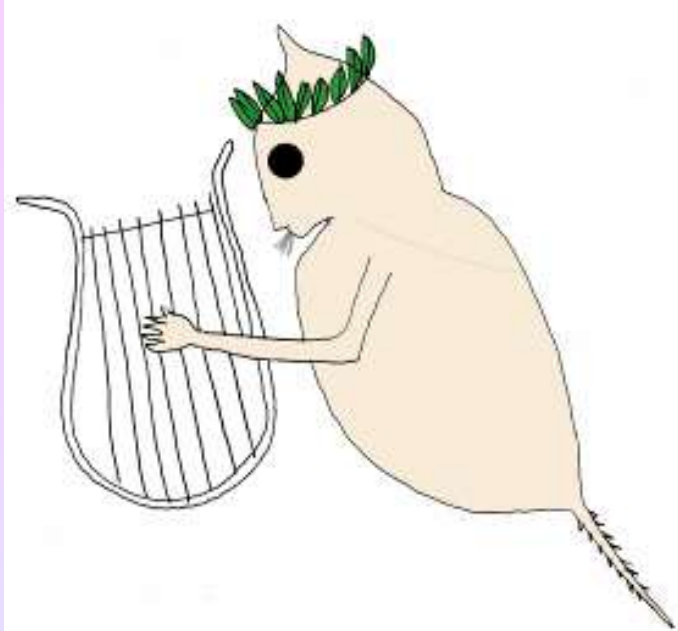


**безжизненный  
“dry ocean”**

**четко, безо  
всяких  
допущений,  
выделяемые  
популяции**



# Cladocera как модельная группа

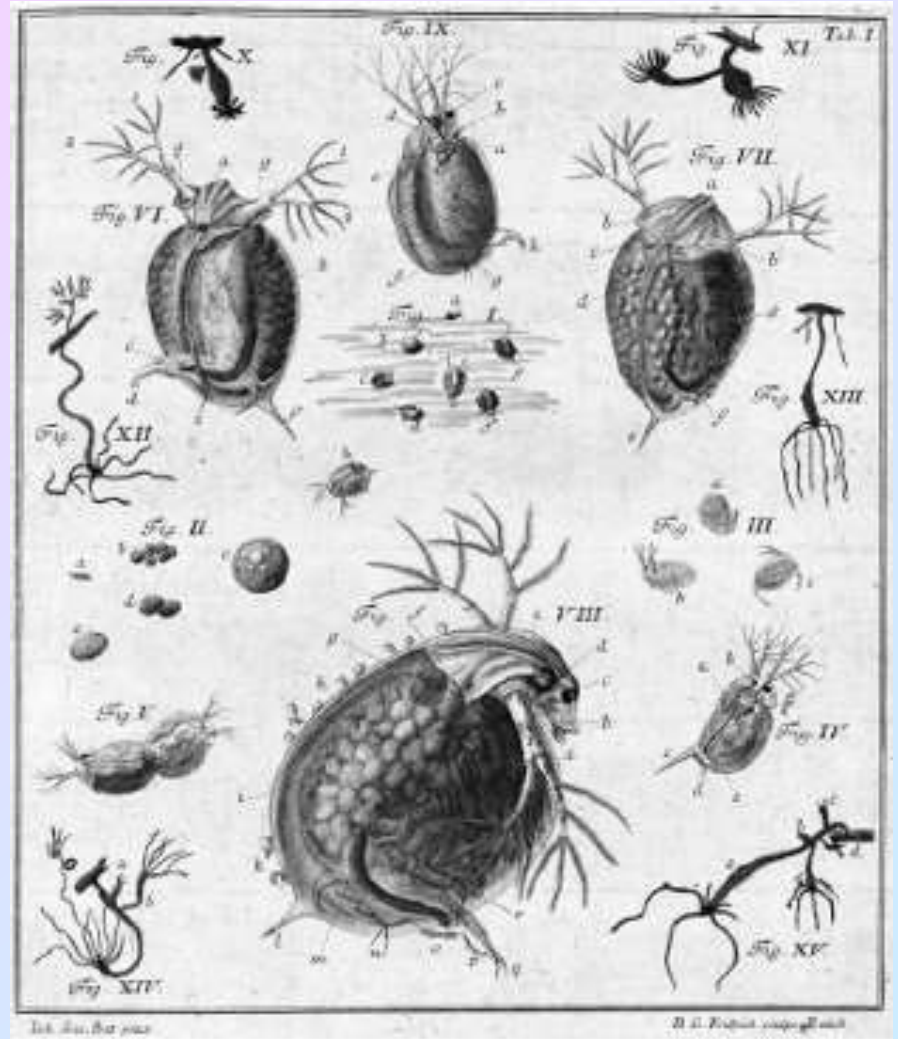


Каждый слышал  
про дафний

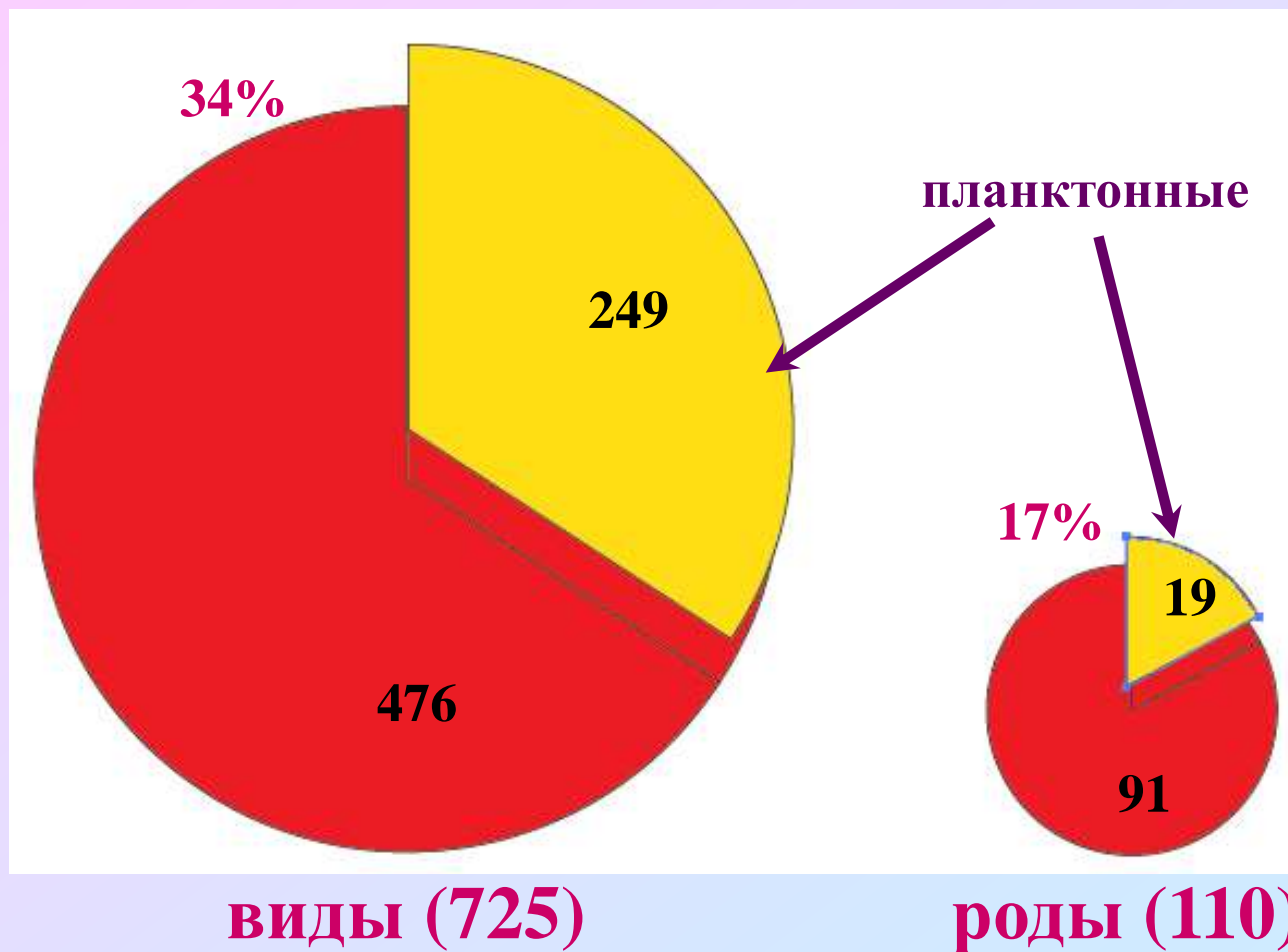
# 1) Относительно разнообразная

... Этот род содержит  
90 видов, а есть еще  
620 видов,  
принадлежащих к  
более 100 родам

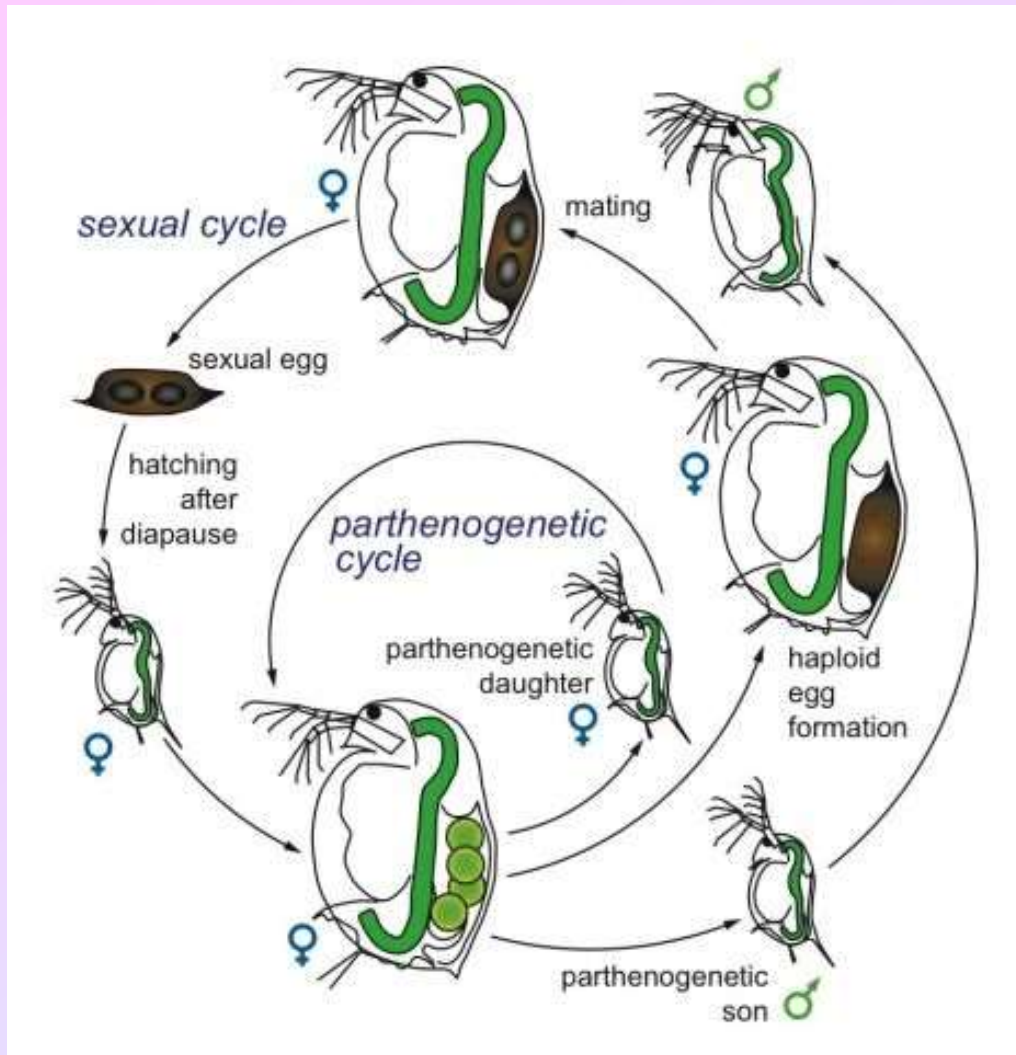
Будущая *Daphnia magna* на  
иллюстрациях Шаффера  
(Schaeffer, 1756)



## 2) Группа объединяет животных с абсолютно разными жизненными стратегиями и стратегиями расселения



### 3) Группа с особенным онтогенезом и способом расселения

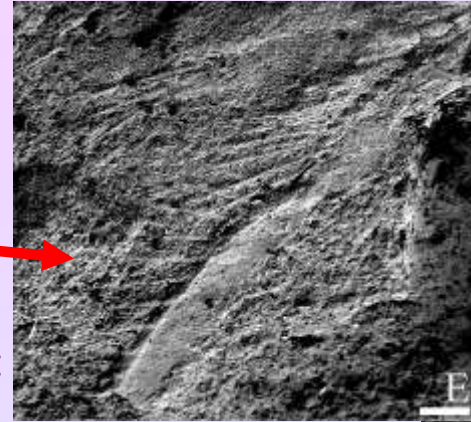


- \* Циклический партеногенез
- \* Пассивное распространение покоящихся яиц
- \* У отряда Аноморода (подавляющее большинство клadoцер!) имеется особая стадия онтогенеза - эфиппиум

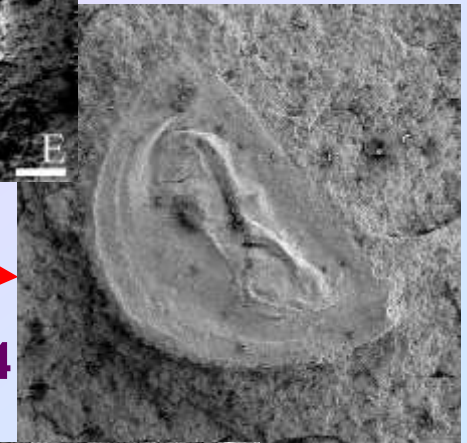
## 4) Группа крайне древняя

### Cladocera из Хотонта (145 млн. лет назад)

**Order Ctenopoda Sars, 1865**  
**Семейство Sididae Baird, 1850:**  
1) *Archelaton* sp.

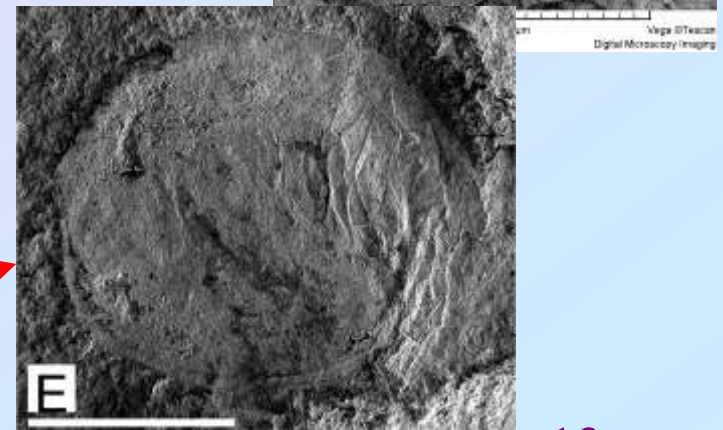


**Order Anomopoda Sars, 1865**  
**Семейство Daphniidae Straus, 1820:**  
2-3) *Daphnia (Ctenodaphnia)* sp. 1 и 2  
4) *Daphnia (Daphnia)* sp.  
5) *Simocephalus* sp.  
6) gen. sp. 1 (*Moina* sp.?)



**Семейство Chydoridae Dybowski & Grochowski, 1894**  
**emend. Frey, 1967:**  
7) gen. sp. 2

**Order Proanomopoda Kotov, 2013**  
**Семейство Prochidoridae Smirnov, 1992:**  
8) *Prochydorus rotundus* Smirnov, 1992  
9) *Archeoxus mirabilis* Smirnov, 1992  
10) "*Archeoxus*" *ventrosus* Smirnov, 1992



# Биогеография Cladocera и пресноводных животных до 70х годов XX века: “космополитизм”



Смена парадигмы в систематике и биогеографии.

## Концепция “континентального эндемизма” вместо “космополитизма”



Но это еще надо  
показать!



David G. Frey (1915-1992)



# Новый этап в изучении клатоцер связан с применением молекулярных методов



Paul D.N. Hebert

## Phenotypic Variability of Lactate Dehydrogenase in *Daphnia magna*

PAUL D. N. HEBERT  
School of Biological Sciences, University of Sydney, Sydney, Australia

**ABSTRACT** Three zones of L(+) lactate dehydrogenase (LDH) activity are apparent after electrophoresis of extracts prepared from well fed individuals of *Daphnia magna*. Phenotypes of individuals subjected to brief starvation are characterized by additional bands below each of the original zones of activity, while prolonged starvation results in the total disappearance of LDH activity in two of the three zones.

Proteolysis of pre-existing LDH molecules is responsible for the appearance of the more anodally migrating components after brief starvation, but the cause of the phenotypic changes after prolonged starvation is uncertain.

The possibility of the using LDH phenotypes to monitor changes in food availability within natural populations of *D. magna* is discussed.

Lactate dehydrogenase is widely distributed among the arthropods and on the basis of a fairly extensive survey Long and Kaplan ('68) suggested that lactate dehydrogenases in the subphylum Chelicerata are specific for D(-) lactate, while those in the Mandibulata are specific for L(+) lactate. This basic dichotomy has been confirmed in later studies with the exception of one mandibulate class, the crustaceans (Gleason et al., '71; Scheid and Awapara, '72). Stereospecificity has been determined in only two of the eight crustacean subclasses, the malacostracan enzymes are specific for L(+) lactate, while the cirrepedian enzymes are specific for D(-) lactate.

Few details are known of the structure or genetic control of lactate dehydrogenases in either subphylum. It has been shown that molecular weights of the chelicerate enzymes are close to 70,000, while the mandibulate enzymes have molecular weights close to the typical vertebrate value of 140,000 (Long and Kaplan, '68; Kaloustian et al., '69). In the chelicerate, *Limulus polyphemus*, it is also known that

species have several electrophoretically distinct isozymes, presumably indicating that at least two loci are ordinarily involved in lactate dehydrogenase synthesis.

The present study has been carried out on *Daphnia magna*, a branchiopod crustacean. Electrophoretic analysis revealed that lactate dehydrogenase phenotypes in this species were extremely variable. When it was ascertained that this variability was not the result of genetic polymorphism, an investigation was carried out to determine the factors responsible for this phenotypic variation.

### MATERIALS AND METHODS

The *Daphnia magna* utilized in this study were collected from a permanent pond near Audley End, approximately 30 miles south of Cambridge, England. Only females with parthenogenetic eggs were used for analysis except where otherwise expressly stated.

For electrophoresis single *Daphnia* were crushed in a drop of distilled water and the homogenate absorbed into filter paper discs. Disc electrophoresis was carried



# Филогеографические работы по кладоцерам стартовали в 1998 г.

Evolution, 52(6), 1998, pp. 1648-1670

## BIOGEOGRAPHY OF A WIDESPREAD FRESHWATER CRUSTACEAN: PSEUDOCONGRUENCE AND CRYPTIC ENDEMISM IN THE NORTH AMERICAN *DAPHNIA LAEVIS* COMPLEX

DEREK J. TAYLOR,<sup>1,2</sup> TERRIE L. FINSTON,<sup>2,3</sup> AND PAUL D. N. HEBERT<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Department of Biological Sciences, State University of New York, Buffalo, New York 14260  
E-mail: djtaylor@acsu.buffalo.edu

<sup>2</sup>Department of Zoology, University of Guelph, Guelph, Ontario N1G 2W1, Canada

<sup>3</sup>Department of Zoology, The University of Western Australia, Nedlands, Western Australia 6907, Australia

**Abstract.**—The lack of morphological variation in many freshwater invertebrates over vast distances has been cited as evidence for their frequent, long-distance dispersal. This scenario implies that vicariance will be an insignificant determinant of species distributions or diversity. We carried out a phylogeographic and population genetics study of one widespread crustacean group, the North American *Daphnia laevis* complex. Allozyme and sequence variation of two mtDNA genes (12S and 16S rRNA) clearly indicates the existence of five morphologically cryptic, largely allopatric groups (*Daphnia dubia*, *D. laevis laevis*, *D. laevis gessneri*, *D. magniceps magniceps*, and *D. magniceps pacifica* ssp. n.). Within each of these groups, there is weak or no genetic differentiation over large geographic areas suggesting their recent long-distance dispersal. The present-day distributions and phylogeography of the regional groups suggests the occurrence of both deep and shallow vicariance events. Although divergence times from mtDNA sequences do indicate both deep and shallow divergences, these estimates are incongruent with their proposed vicariance times. The results show that even within closely related freshwater invertebrates, a complex biogeography exists, whose analysis is made difficult by long-distance dispersal, cryptic endemism, and pseudocongruence.

**Key words.**—Allozymes, biogeography, Crustacea, *Daphnia*, dispersal, mtDNA.

Received October 10, 1997. Accepted July 21, 1998.

"We should not forget the probability of many fresh-water forms having formerly ranged continuously over immense areas and then having become extinct at intermediate points. But the wide distribution of fresh-water plants and of the lower animals . . . apparently depends in main part on the wide dispersal of their seeds and eggs by animals, more especially by fresh-water birds" Darwin (1859 p. 304).

Freshwater invertebrates have played a key role in the for-

nally, successful colonization of new habitats is aided by a clonal reproductive phase in the life cycle of some microcrustaceans—populations can be founded by a single propagule and finding a mate is never a limitation.

Even though a lack of geographic morphological variation and the potential for frequent long-distance dispersal are apparent in microcrustaceans, freshwater biogeographers have recently provided evidence of endemism and restricted gene



- Pacific
- Central
- △ Atlantic
- ▲ *D. dubia*

genetic groups in the North American *Daphnia laevis* complex identified by mtDNA sequence Appendix 1.

# Ограниченность предыдущего этапа работ

Molecular Ecology (2005) 14, 753–764

doi: 10.1111/j.1365-294X.2004.02434.x

## Phylogeography of *Daphnia magna* in Europe

K. DE GELAS and L. DE MEESTER

Laboratory of Aquatic Ecology, De Beriotstraat 32, B–3000 Leuven, Belgium

### Abstract

The phylogeographical structure of the water flea *Daphnia magna* in Europe was analysed using a 609-bp fragment of the cytochrome oxidase subunit I gene. Only moderate overall genetic divergence was detected within Europe. We detected four genetically and, to a large extent, geographically distinct phylogroups within Europe. Our results suggest that these groups recolonized large parts of Europe around 100 000 BP from different refugia. Overall, the pattern suggests a high degree of provincialism with a patchy occurrence of specific lineages, thus confirming the highly subdivided genetic structure usually observed in freshwater zooplankton populations. Although the region around the Mediterranean Sea was only sampled patchily, we obtained strong indications for the occurrence of more divergent genetic lineages in this region. Comparing our European samples to samples from North America and Japan revealed a higher level of differentiation, reflecting limited intercontinental dispersal.

**Keywords:** COI, *Daphnia magna*, mismatch, nested clade, parthenogenesis, phylogeography

Received 19 March 2004; revision received 13 August 2004; accepted 13 August 2004

### Introduction

Many freshwater zooplankton species are characterized by high dispersal capacities and a widespread geographical distribution covering whole or even multiple continents (Hebert 1987). These widespread taxa show a remarkable morphological uniformity over their distributional range, which has been suggested to reflect substantial gene flow among populations. Nevertheless, population genetic studies using molecular markers reveal a completely different picture, as they report high levels of genetic subdivision among populations even on small geographical scales (see Hebert 1987; Carvalho 1994; De Meester 1996 for reviews). Studies encompassing broader geographical ranges show the existence of several phylogroups and even cryptic species complexes (Taylor *et al.* 1998; Gomez *et al.* 2000; Cox & Hebert 2001; Hebert *et al.* 2003; Penton *et al.* 2004), especially when 'conspecifics' from different continents are considered (Colbourne *et al.* 1998; Adamowicz *et al.* 2002; Cox & Hebert 2001; Hebert & Cristescu 2002). Despite the

Cox & Hebert (2001) and Hebert *et al.* (2003) have shown that the genetic structure of *D. magna* is highly subdivided, with distinct lineages occurring in different geographical regions. This pattern is consistent with a high degree of provincialism and limited intercontinental dispersal. The present study extends the phylogeographical analysis of *D. magna* in Europe, focusing on the genetic structure of the species in this region. We used a 609-bp fragment of the cytochrome oxidase subunit I gene to analyse the genetic structure of *D. magna* in Europe. Our results suggest that the genetic structure of *D. magna* in Europe is highly subdivided, with distinct lineages occurring in different geographical regions. This pattern is consistent with a high degree of provincialism and limited intercontinental dispersal. The present study extends the phylogeographical analysis of *D. magna* in Europe, focusing on the genetic structure of the species in this region.

large range of dispersal capacities and a widespread geographical distribution covering whole or even multiple continents (Hebert 1987). These widespread taxa show a remarkable morphological uniformity over their distributional range, which has been suggested to reflect substantial gene flow among populations. Nevertheless, population genetic studies using molecular markers reveal a completely different picture, as they report high levels of genetic subdivision among populations even on small geographical scales (see Hebert 1987; Carvalho 1994; De Meester 1996 for reviews). Studies encompassing broader geographical ranges show the existence of several phylogroups and even cryptic species complexes (Taylor *et al.* 1998; Gomez *et al.* 2000; Cox & Hebert 2001; Hebert *et al.* 2003; Penton *et al.* 2004), especially when 'conspecifics' from different continents are considered (Colbourne *et al.* 1998; Adamowicz *et al.* 2002; Cox & Hebert 2001; Hebert & Cristescu 2002). Despite the



## BIOGEOGRAPHY OF A WIDESPREAD FRESHWATER CRUSTACEAN: PSEUDOCONGRUENCE AND CRYPTIC ENDEMISM IN THE NORTH AMERICAN *DAPHNIA LAEVIS* COMPLEX

DEREK J. TAYLOR,<sup>1,2</sup> TERRIE L. FINSTON,<sup>2,3</sup> AND PAUL D. N. HEBERT<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Department of Biological Sciences, State University of New York, Buffalo, New York 14260

E-mail: djtaylor@acsu.buffalo.edu

<sup>2</sup>Department of Zoology, University of Guelph, Guelph, Ontario N1G 2W1, Canada

<sup>3</sup>Department of Zoology, The University of Western Australia, Nedlands, Western Australia 6907, Australia

**Abstract.**—The lack of morphological variation in many freshwater invertebrates over vast distances has been cited as evidence for their frequent, long-distance dispersal. This scenario implies that vicariance will be an insignificant determinant of species distributions or diversity. We carried out a phylogeographic and population genetics study of one widespread crustacean group, the North American *Daphnia laevis* complex. Allozyme and sequence variation of two mtDNA genes (12S and 16S rRNA) clearly indicates the existence of five morphologically cryptic, largely allopatric groups (*Daphnia dubia*, *D. laevis laevis*, *D. laevis gesneri*, *D. magniceps magniceps*, and *D. magniceps pacifica* ssp. n.). Within each of these groups, there is weak or no genetic differentiation over large geographic areas suggesting their recent long-distance dispersal. The present-day distributions and phylogeography of the regional groups suggests the occurrence of both deep and shallow vicariance events. Although divergence times from mtDNA sequences do indicate both deep and shallow divergences, these estimates are incongruent with their proposed vicariance times. The results show that even within closely related freshwater invertebrates, a complex biogeography exists, whose analysis is made difficult by long-distance dispersal, cryptic endemism, and pseudocongruence.

**Key words.**—Allozymes, biogeography, Crustacea, *Daphnia*, dispersal, mtDNA.

# НЕИЗБЕЖНАЯ ОГРАНИЧЕННОСТЬ ДАННОГО ДОКЛАДА

- \* Обсуждаю только данные по митохондриальным генам, вообще не касаюсь результатов по ядерным генам (которые имеются)**
- \* Вследствие этого, никак не обсуждаю проблему гибридизации (хотя гибриды выявляются)**
- \* Категорически уклоняюсь от использования понятия «вид» и обсуждения какой-либо концепции вида, применительно к той или иной группе**
- \* Не обсуждаю соответствие филогрупп номенклатурным актам и использованию филогенетических и филогеографических данных в систематике (а в этой области наш коллектив предпринимает очень серьезные усилия)**

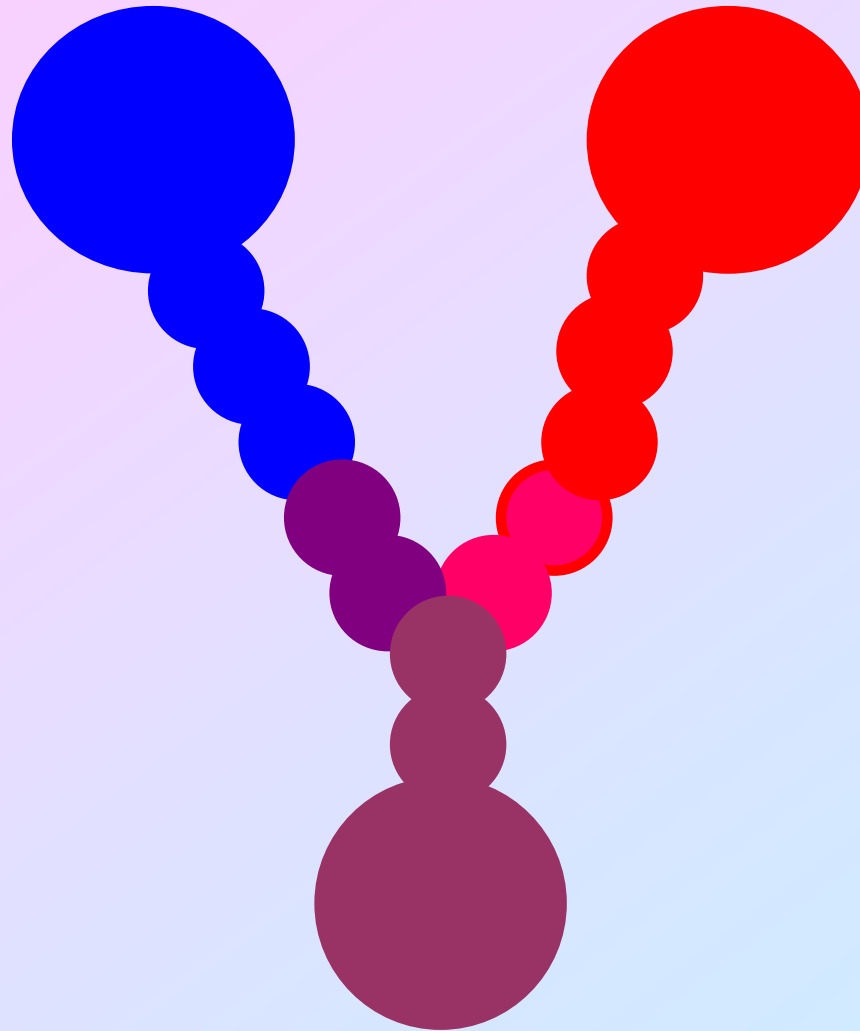
**«МИТОХОНДРИАЛЬНЫЕ ФИЛОГРУППЫ»**

# НЕИЗБЕЖНАЯ ОГРАНИЧЕННОСТЬ ДАННОГО ДОКЛАДА

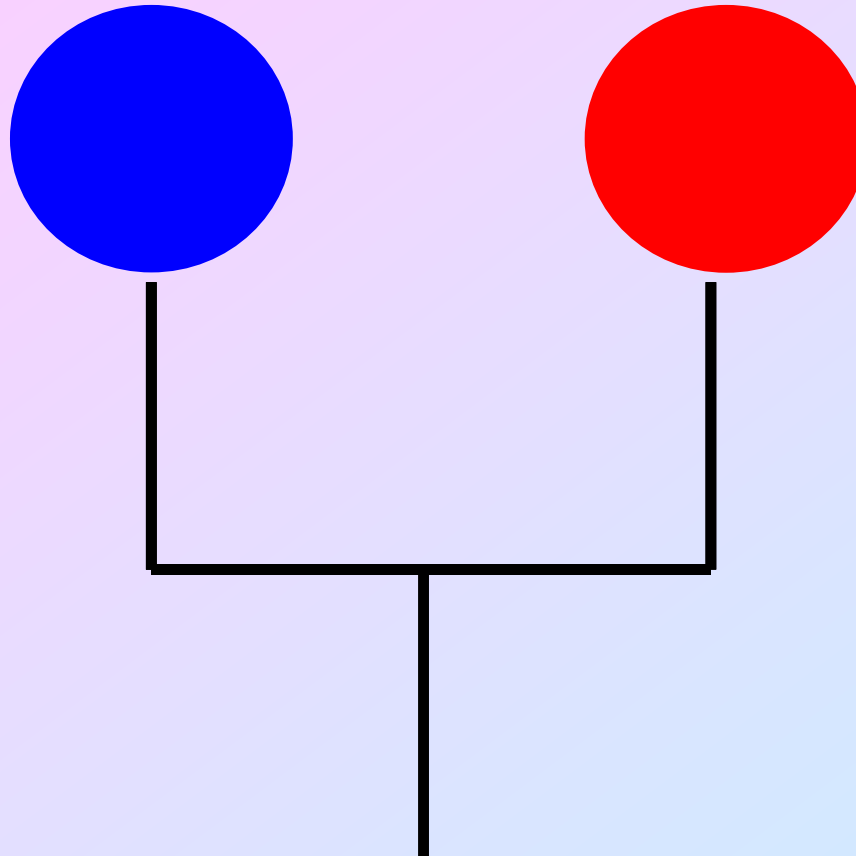
**\* Касаюсь только Северной Евразии, вообще не обсуждаю широтных градиентов, хотя некие широтные паттерны и появятся *a-posteriori***

**\* Из всех филогеографических подходов обсуждается только два – картирование клад, выявленных на филогенетических деревьях и построение сетей гаплотипов и их интерпретация. Все остальные **МНОГОЧИСЛЕННЫЕ** методы филогеографии не обсуждаются!**

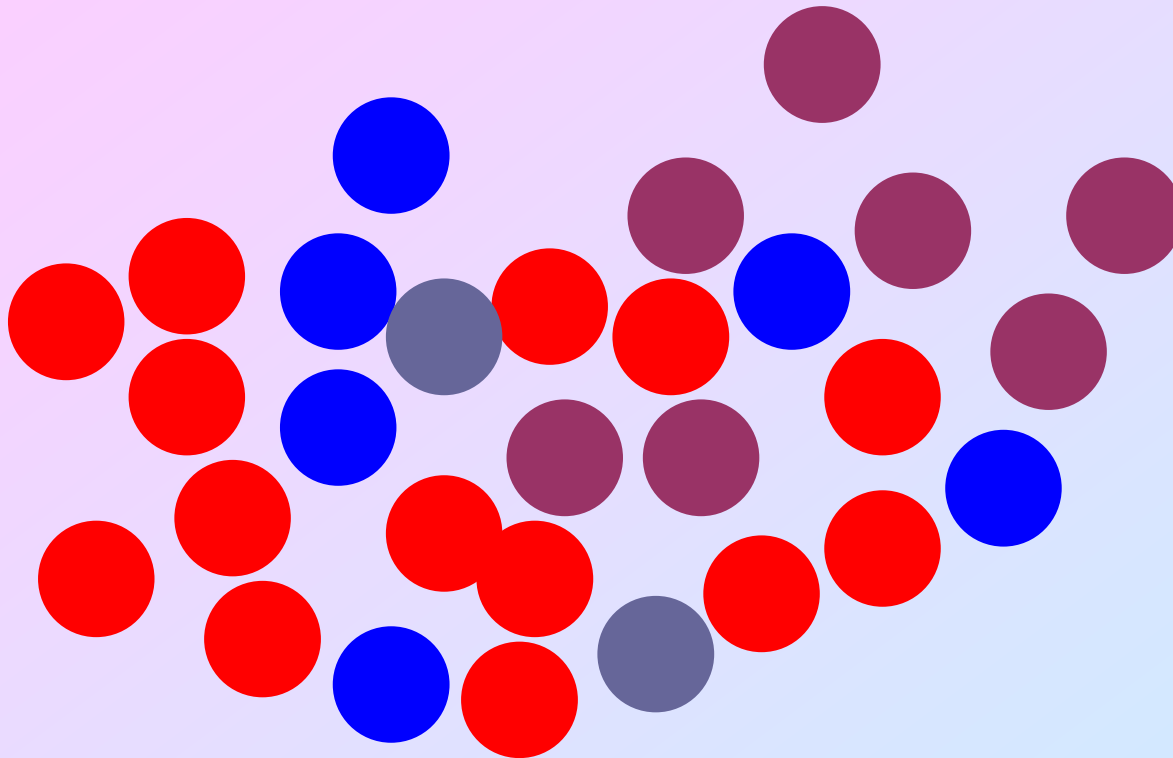
## Отличия допущений при конструировании сети от таковых при конструировании дерева



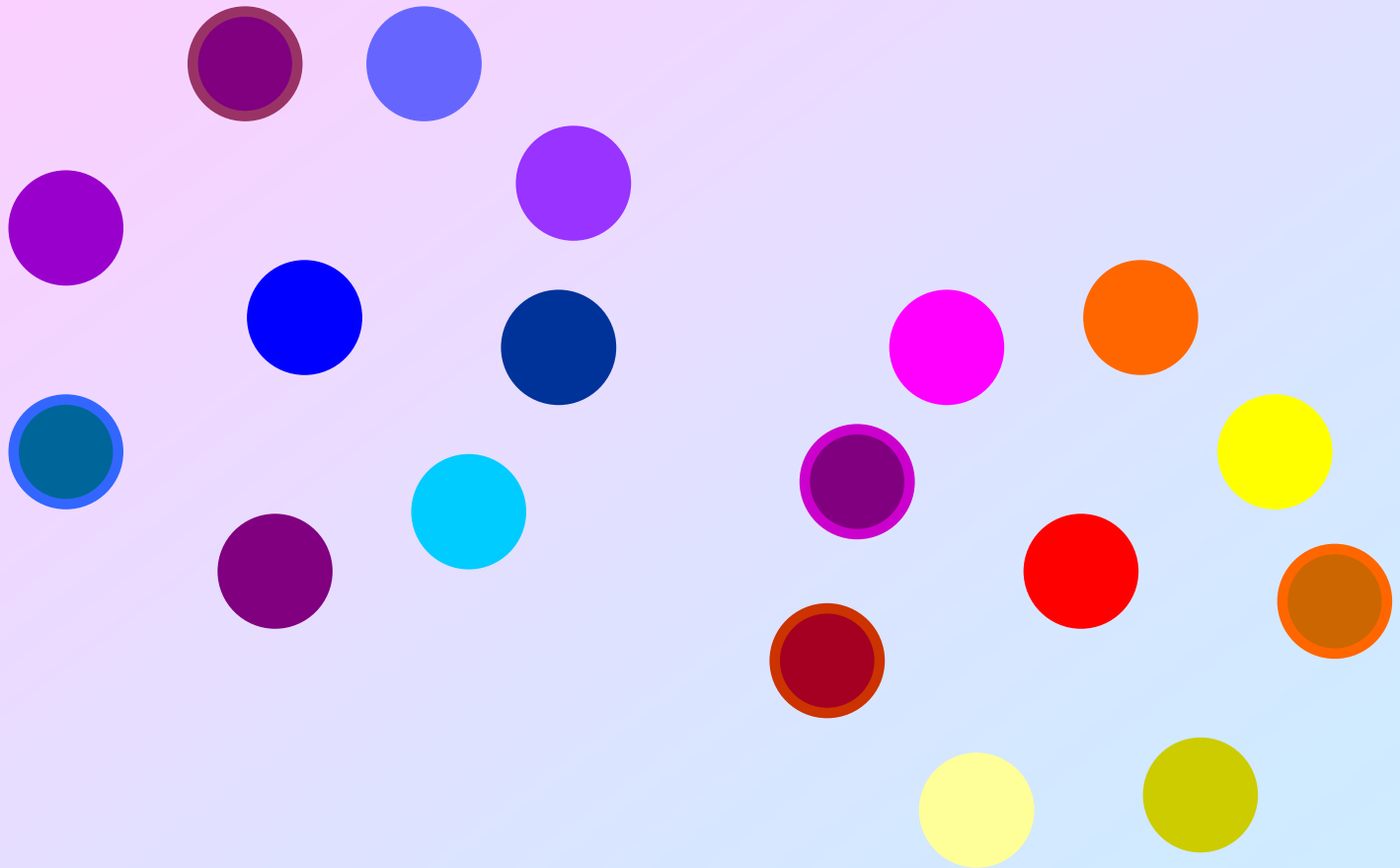
## Отличия допущений при конструировании сети от таковых при конструировании дерева



## Отличия допущений при конструировании сети от таковых при конструировании дерева



## Отличия допущений при конструировании сети от таковых при конструировании дерева





# В ОСНОВНОМ РАССМАТРИВАЮ ЧЕТЫРЕ ПУБЛИКАЦИИ

**MOLECULAR ECOLOGY**

Molecular Ecology (2009) 18, 5161–5179 doi: 10.1111/j.1365-294X.2009.04422.x

## The noncosmopolitanism paradigm of freshwater zooplankton: insights from the global phylogeography of the predatory cladoceran *Polyphemus pediculus* (Linnaeus, 1761) (Crustacea, Onychopoda)

S. XU,\* P. D. N. HEBERT,† A. A. KOTOV‡ and M. E. TABIANA§

\*Great Lakes Institute for Environmental Research, University of Western Ontario, London, ON, Canada N6A 3K7; †Department of Biology, University of Guelph, Guelph, ON, Canada N1G 2W1; ‡Department of Biology, Moscow State University, Leninsky Prospekt 33, Moscow 119071, Russia; §Department of Biology, Moscow State University, Moscow, Russia

**Abstract**

A major question in our understanding of eukaryotic biodiversity is whether all taxonomic groups have cosmopolitan distributions or whether many groups have restricted distributions. Here, we explore the global phylogeography of the predatory cladoceran *Polyphemus pediculus* (Linnaeus, 1761) (Crustacea: Cladocera) using mitochondrial genes, cytochrome *c* oxidase subunit I as a marker, 18S ribosomal RNA. The results of neighbor-joining analyses reveal an exceptionally pronounced genetic structure at continental scales. The presence of well-supported clades in the Holarctic suggests that *P. pediculus* represents a complex of allopatric cryptic species. Interestingly, all phylogenetically distinct clades are geographically

**PLOS ONE**

RESEARCH ARTICLE

## Phylogeography of *Daphnia magna* Straus (Crustacea: Cladocera) in Northern Eurasia: Evidence for a deep longitudinal split between mitochondrial lineages

Eugeniya I. Bekker<sup>1\*</sup>, Dmitry P. Karabanov<sup>2\*</sup>, Yan R. Galimov<sup>3\*</sup>, Christoph R. Haag<sup>4\*</sup>, Tatiana V. Neretina<sup>5\*</sup>, Alexey A. Kotov<sup>1,6\*</sup>

1 Laboratory of Aquatic Ecology and Invasions, A. N. Severtsov Institute of Ecology and Evolution of Russian Academy of Sciences, Moscow, Russia, 2 Laboratory of Fish Ecology, I. D. Papanin Institute for Biology of Inland Waters of Russian Academy of Sciences, Borok, Yaroslavl Area, Russia, 3 Laboratory of Experimental Ecology and Evolution, Institute of Biology and Biophysics of Russian Academy of Sciences, Moscow, Russia, 4 Laboratoire de Biologie Evolutive et Comparative, CNRS, UMR 5175, Université de Montpellier, Montpellier, France, 5 N.A. Seleznev Institute of Zoology, Moscow State University, Moscow, Russia, 6 Department of Biology, Moscow State University, Moscow, Russia

**PLOS ONE**

RESEARCH ARTICLE

## Phylogeography of the *Chydorus sphaericus* Group (Cladocera: Chydoridae) in the Northern Palearctic

Alexey A. Kotov<sup>1,2\*</sup>, Dmitry P. Karabanov<sup>1,2\*</sup>, Eugeniya I. Bekker<sup>3\*</sup>, Tatiana V. Neretina<sup>4\*</sup>, Derek J. Taylor<sup>5\*</sup>

1 Laboratory of Aquatic Ecology and Invasions, A. N. Severtsov Institute of Ecology and Evolution of Russian Academy of Sciences, Moscow, Russia, 2 Laboratory of Fish Ecology, I. D. Papanin Institute for Biology of Inland Waters of Russian Academy of Sciences, Borok, Yaroslavl Area, Russia, 3 White Sea Biological Station, Biological Faculty, M.V. Lomonosov Moscow State University, Moscow, Russia, 4 Department of Biology, Moscow State University, Moscow, Russia, 5 Department of Biology, University of Guelph, Guelph, ON, Canada N1G 2W1

for phylogeographic analyses. For instance, in most cases, the taxa are concentrated on the Euro-Palearctic region being geographically separated from the freshwater cladoceran taxa in the Northern Palearctic region. This partial mitochondrial divergence is longitudinally from west to east, which is previously strongly underappreciated. We find that the previously suspected super-clades are not supported. We find that the taxa in the northern part of Western

- Xu et al., 2009
- Bekker et al., 2016
- Kotov et al., 2016
- Bekker et al., 2018

**PLOS ONE**

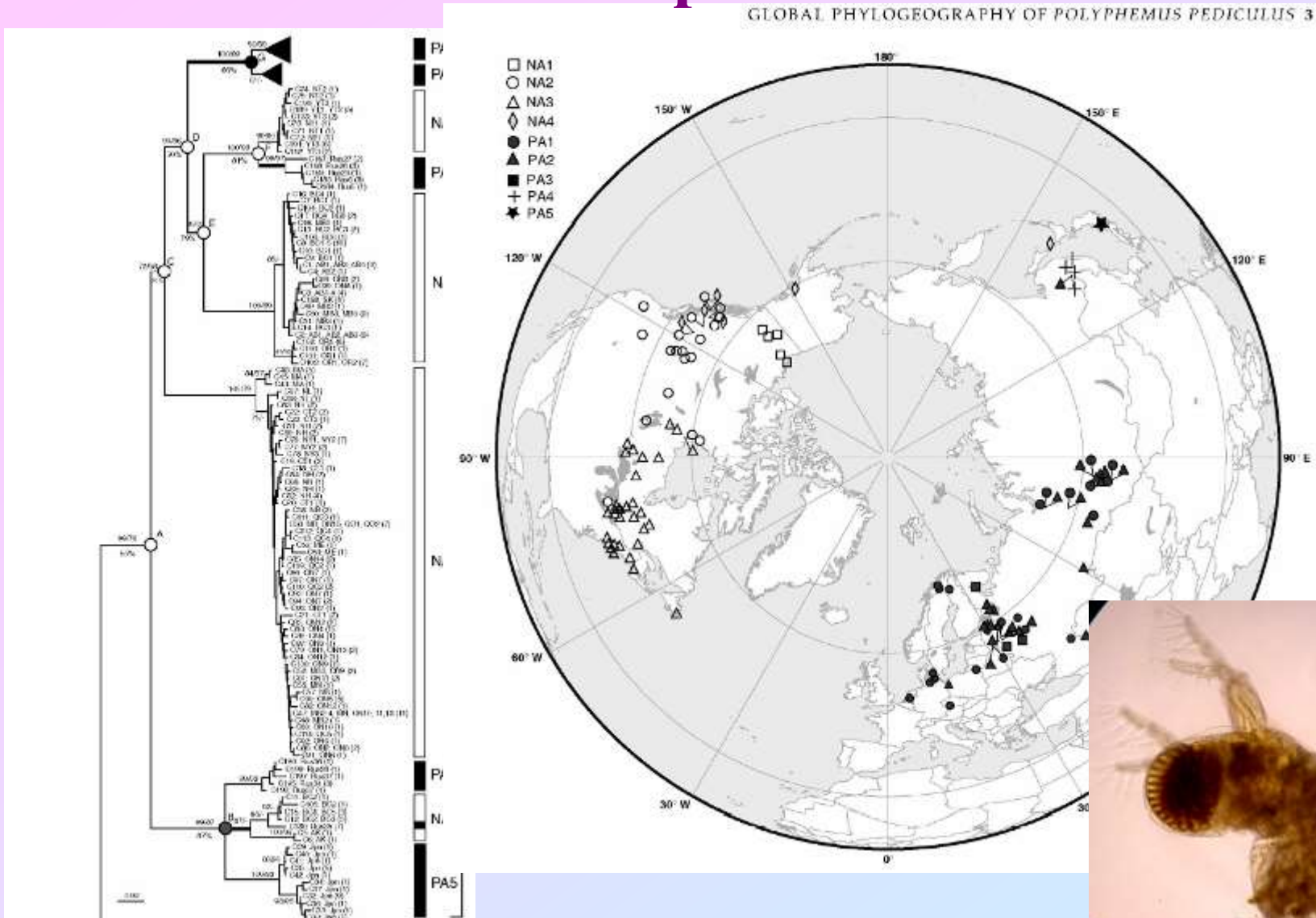
RESEARCH ARTICLE

## DNA Barcoding Reveals High Cryptic Diversity in the North Eurasian *Moina* Species (Crustacea: Cladocera)

Eugeniya I. Bekker<sup>1\*</sup>, Dmitry P. Karabanov<sup>1,2\*</sup>, Yan R. Galimov<sup>1,2\*</sup>, Alexey A. Kotov<sup>1,3\*</sup>

1 Laboratory of Aquatic Ecology and Invasions, A. N. Severtsov Institute of Ecology and Evolution of Russian Academy of Sciences, Moscow, Russia, 2 Laboratory of Fish Ecology, I. D. Papanin Institute for Biology of Inland Waters of Russian Academy of Sciences, Borok, Yaroslavl Area, Russia, 3 Laboratory of Experimental Embryology, Koltzov Institute of Developmental Biology of Russian Academy of Sciences, Moscow, Russia

# Xu et al., 2009: Реконструкция голоценовой и плейстоеновой истории таксонов

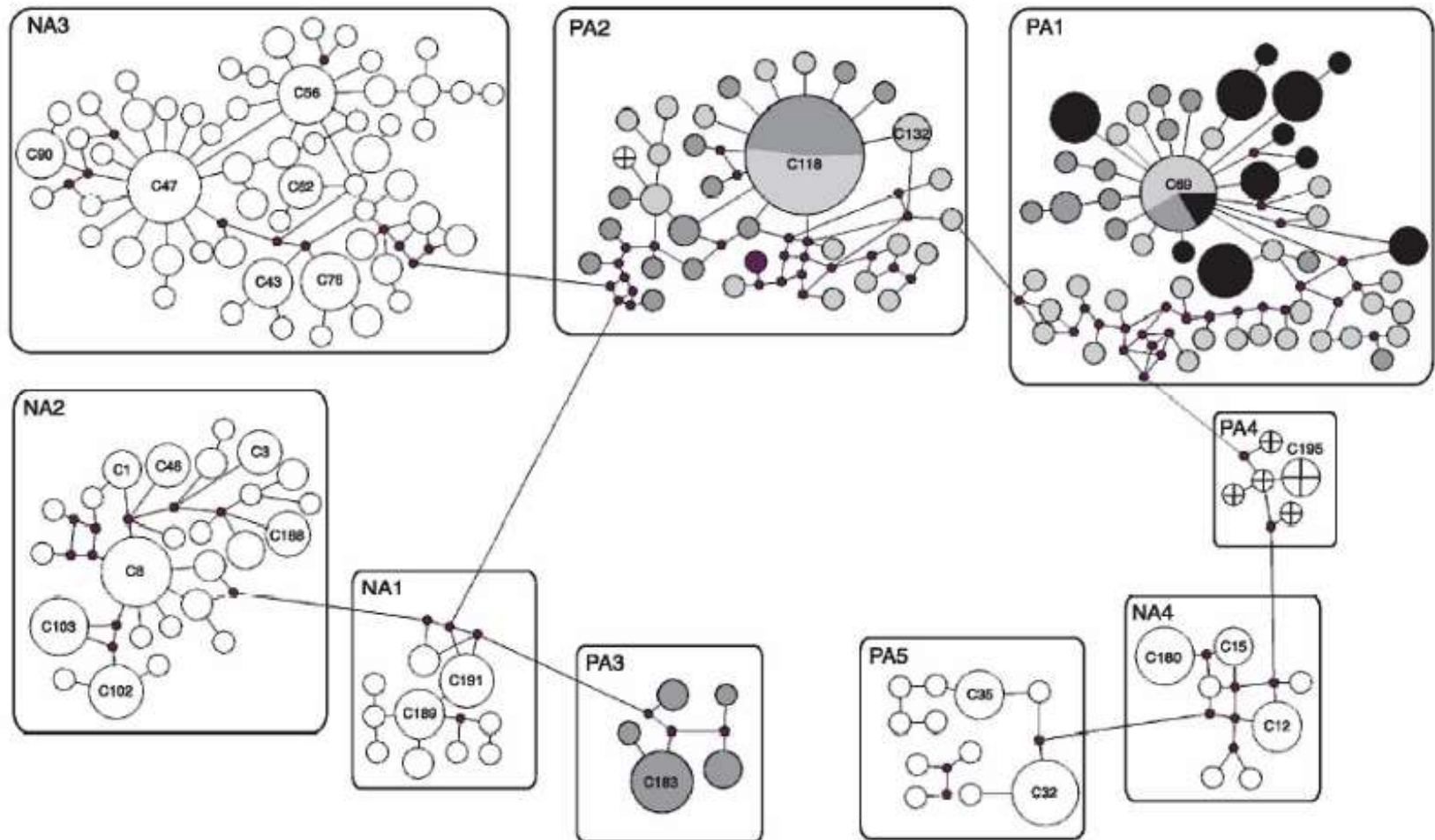


Neighbour-joining (NJ) tree based on 201 haplotypes of the cytochrome c oxidase subunit I (COI) gene.



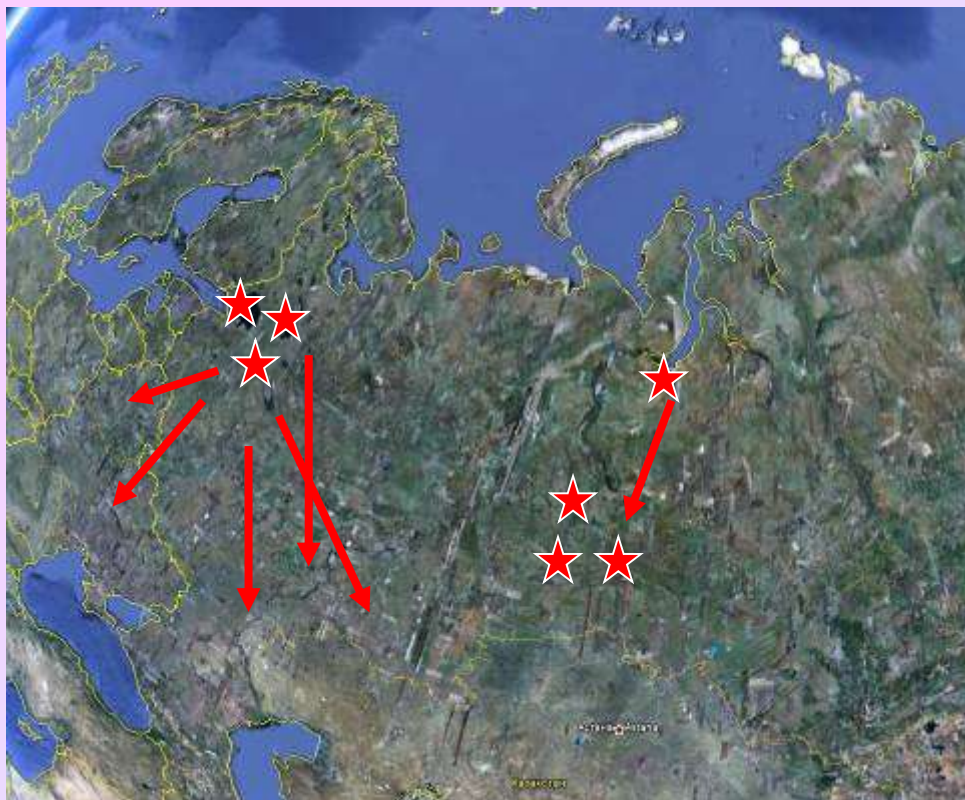
*Polyphemus pediculus* Linnaeus

# *Polyphemus*: Сеть гаплотипов COI



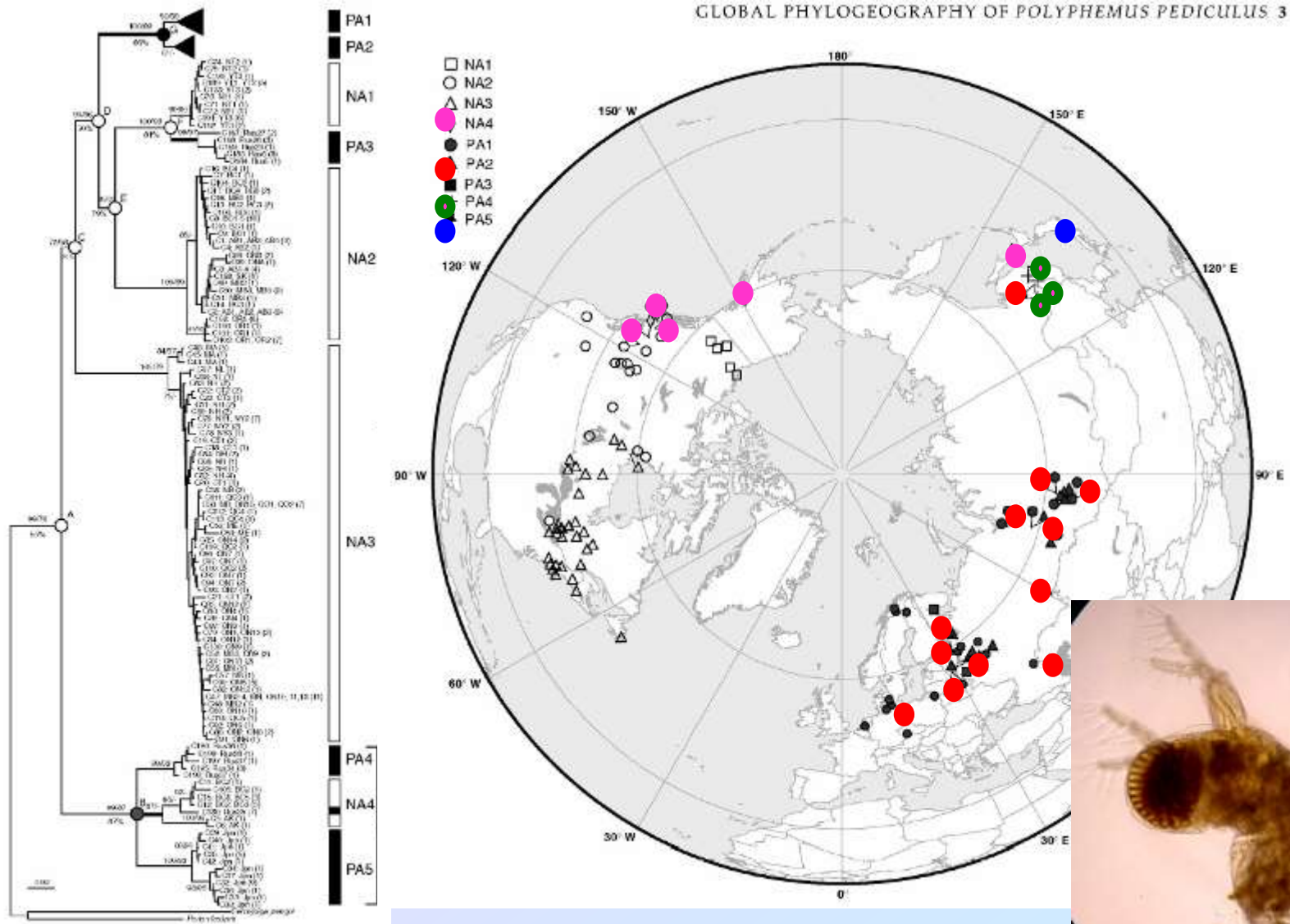
**black** – European haplotypes; **dark grey** – European Russian haplotypes; **light grey** – Siberian haplotypes; **cross** – Russian Far East haplotypes

# Распространение «примитивных» гаплотипов RA1 и RA2 в Европе



**Вернемся потом к объяснению**

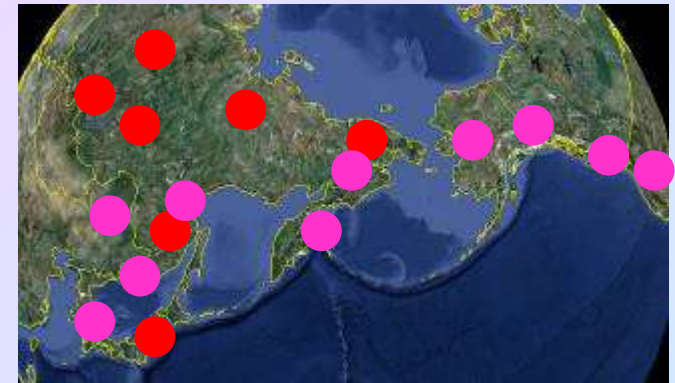
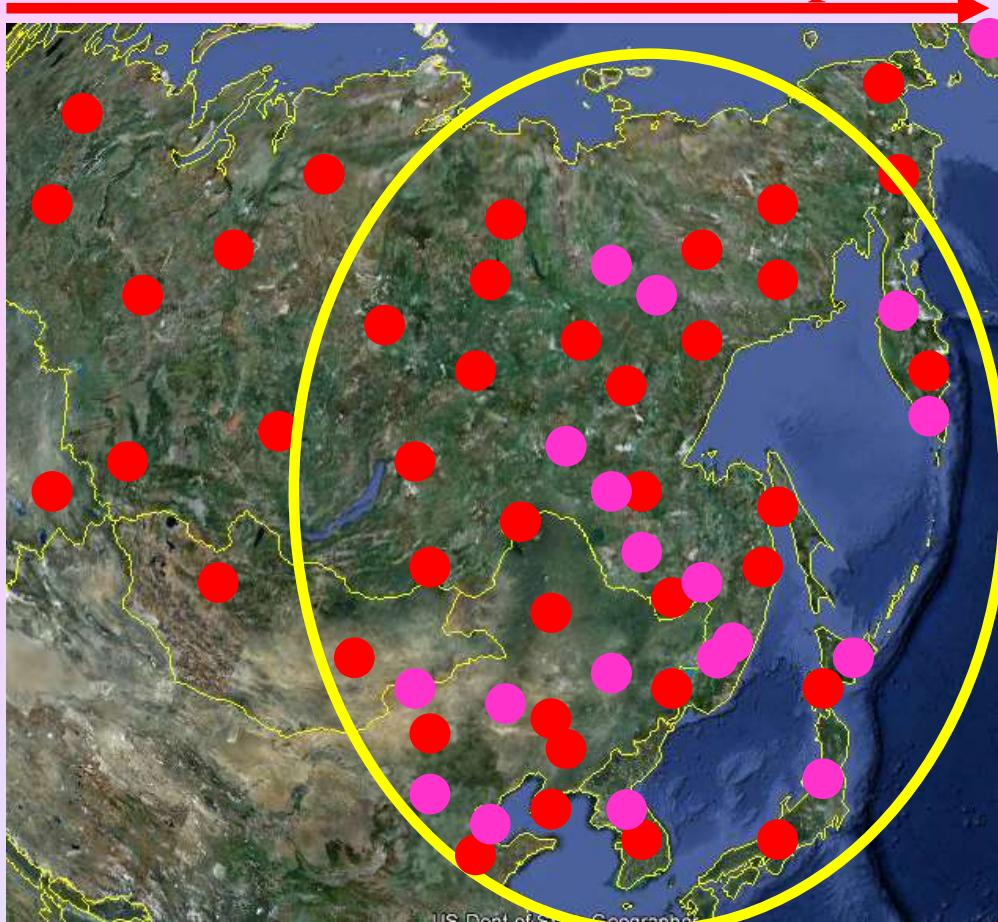
# Генетика *Polyphemus pediculus* (Linnaeus, 1776) (Xu et al., 2009)



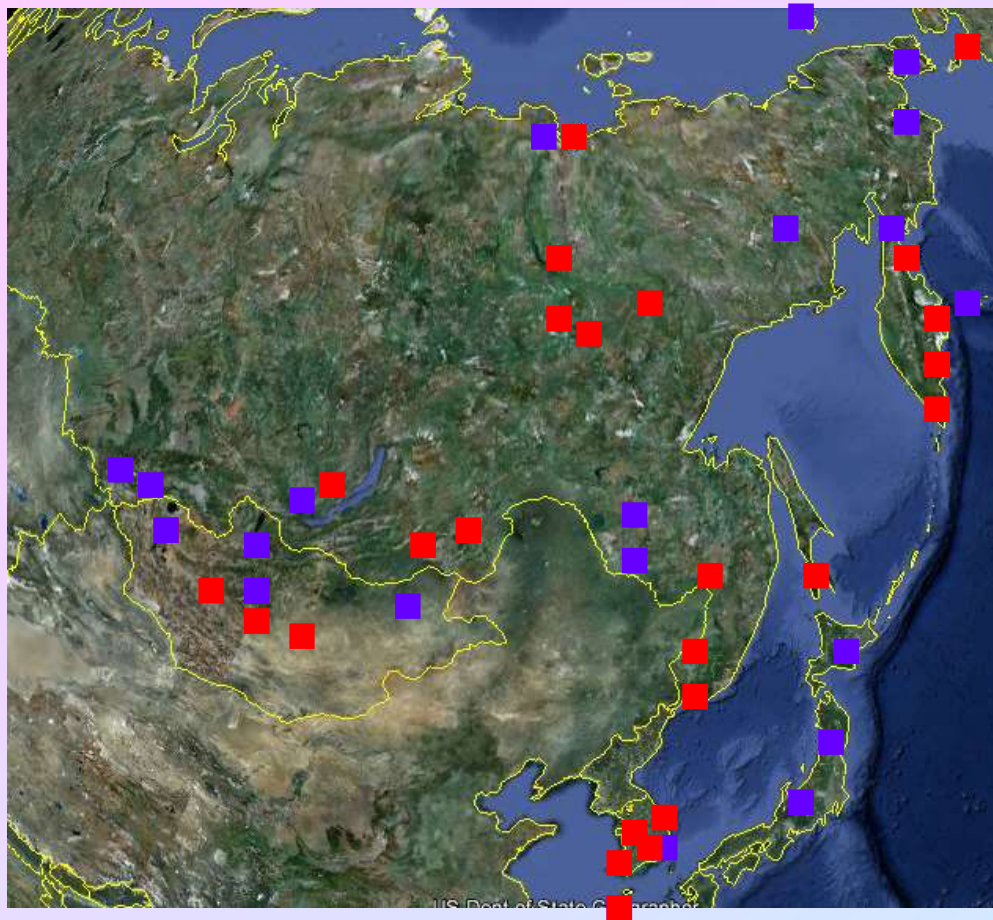
## ПРЕДВАРИТЕЛЬНЫЕ ВЫВОДЫ:

- 1) Найден долготный градиент в Восточной Азии
- 2) Имеются так называемые “европейские” виды и
- 3) Специфичные восточноазиатские (“берингийские”?) виды
- 4) Биоразнообразие тут выше (поскольку не было оледенения?)

долготный градиент

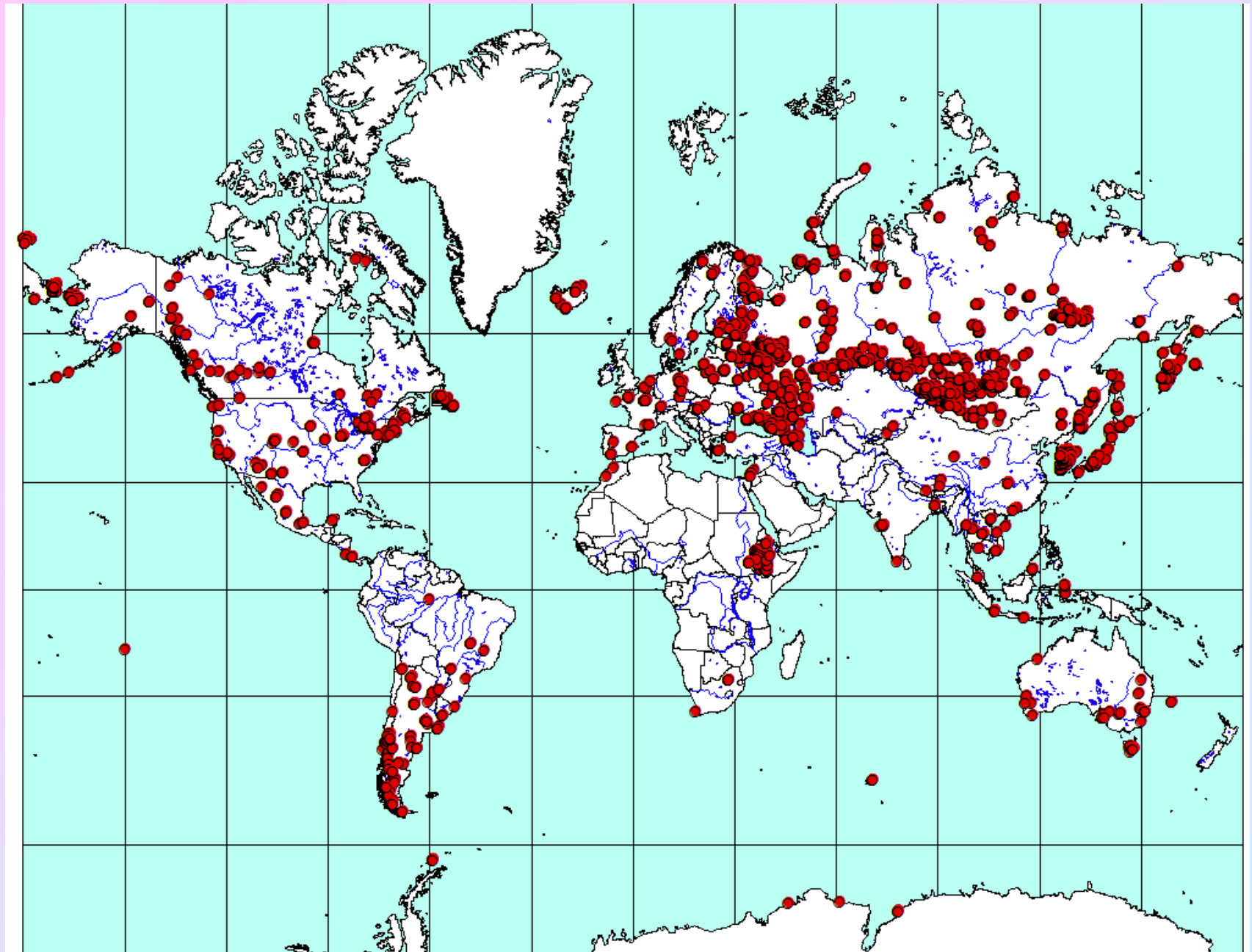


# Программа массовых сборов в азиатской части Палеарктики



- массовый пробоотбор
- серии от коллег

**Результат на сегодняшний день: более 4000 проб для молекулярного анализа, занесенных в базу данных**



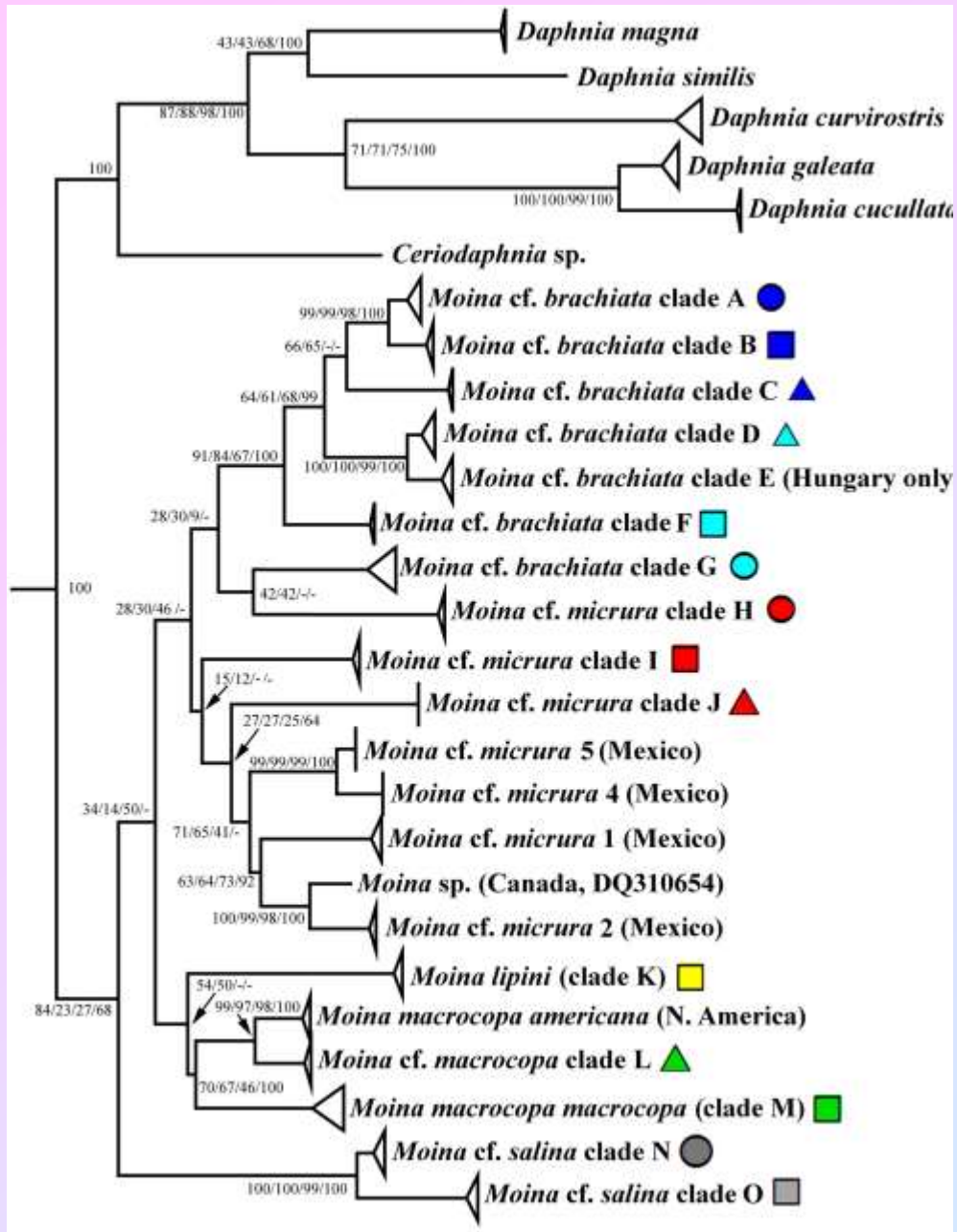


# Молекулярно-генетическая лаборатория на Вавилова 34



Российский  
научный  
фонд

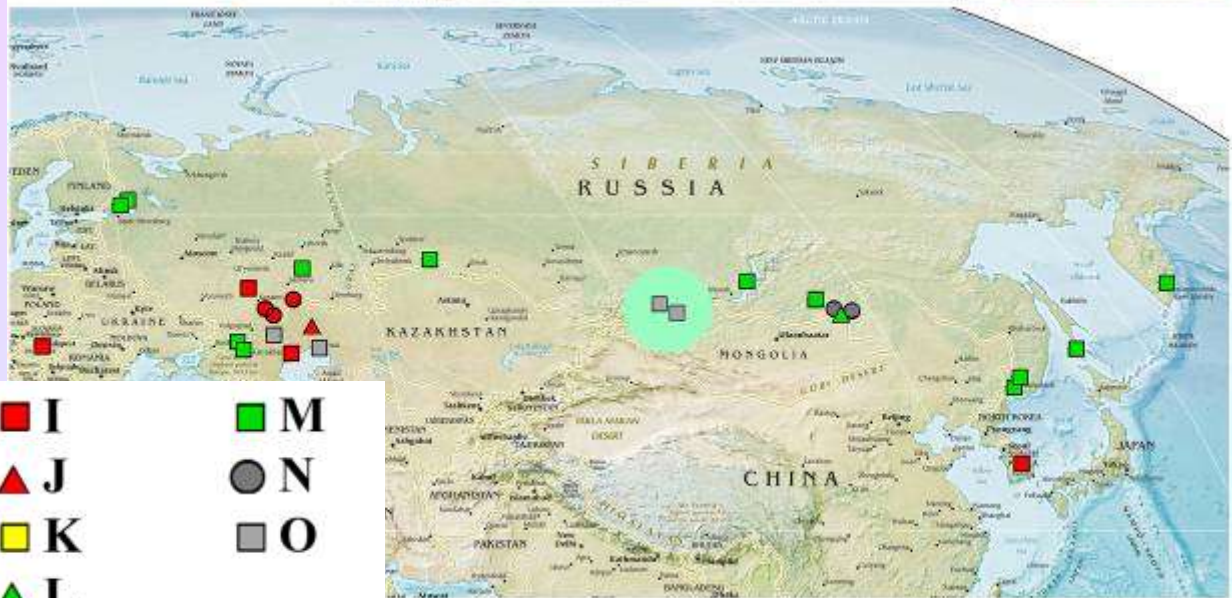
# История с мoinами



Maximum likelihood tree representing the diversity among COI phylogroups of *Moina*.

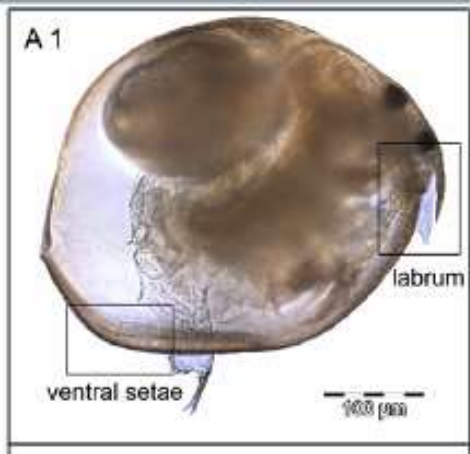
# переходная зона между фаунистическими над-комплексами («типами фаун»)

синие – cf. *brachiata*  
 зеленые – cf. *macroscopa*  
 красные – cf. *micrura*  
 серые – cf. *salina*  
 желтые - *lipini*

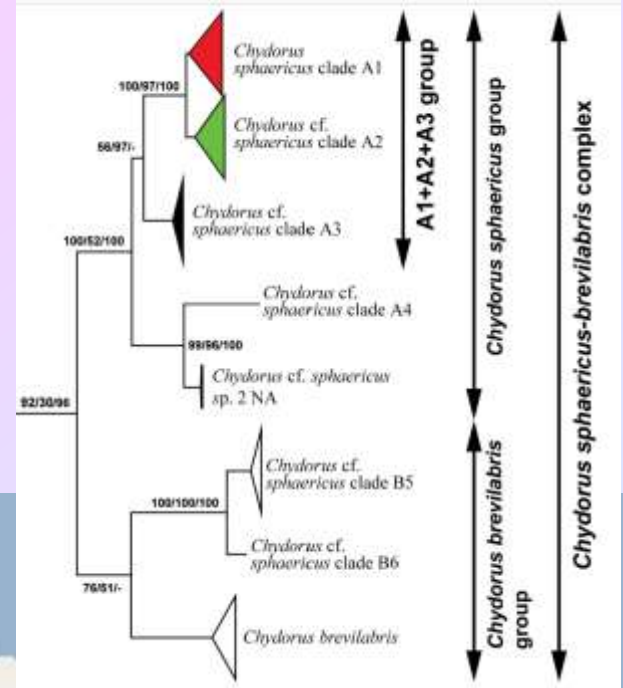


# *Chydorus sf. sphaericus*

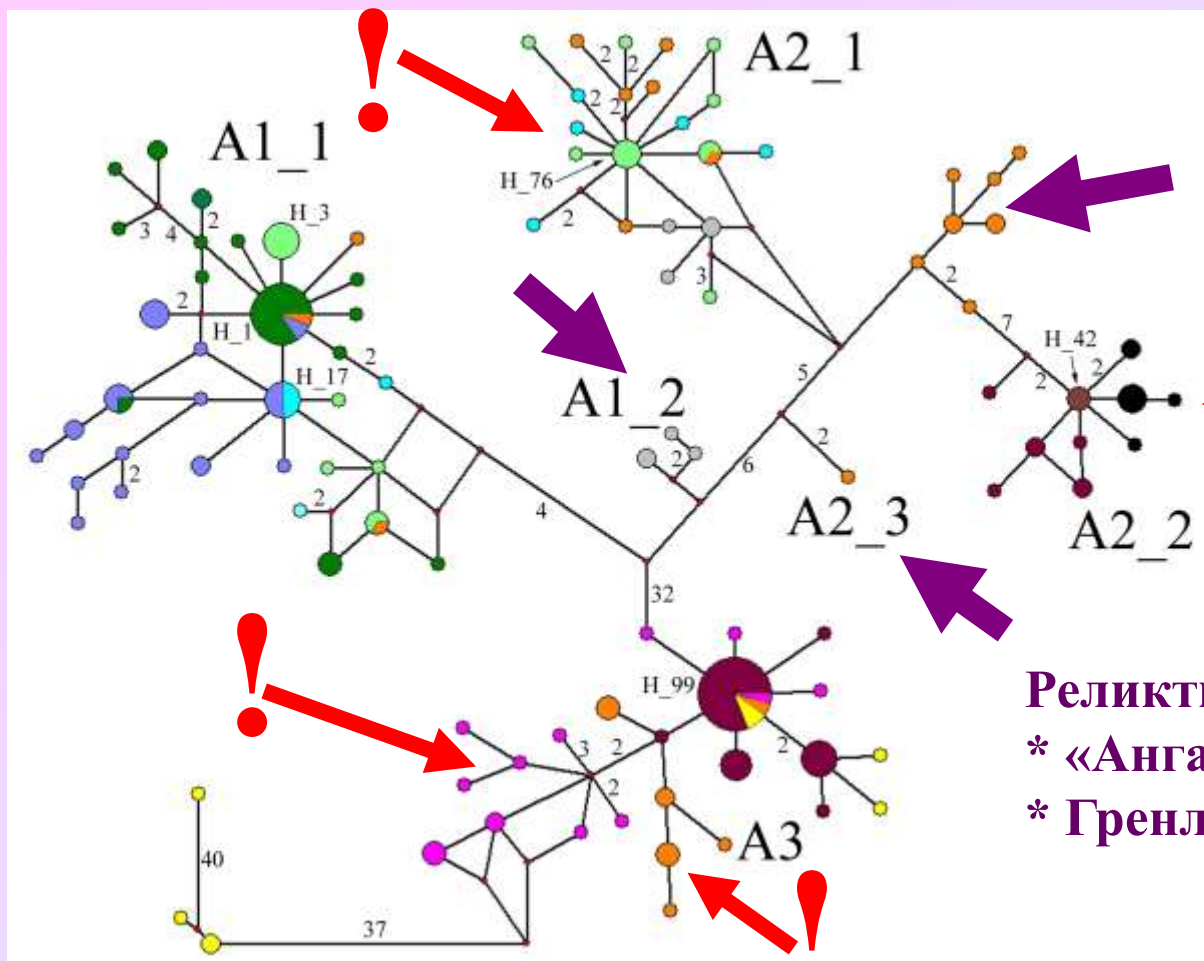
Maximum likelihood tree based on sequences of the mitochondrial cytochrome c oxidase subunit I (COI) gene representing the diversity among phylogroups of the *Chydorus sphaericus* group.



● A1\_1    ■ A1\_2    ▲ A2\_1    ■ A2\_2    ● A2\_3    ■ A\_3



# *Chydorus sf. sphaericus*

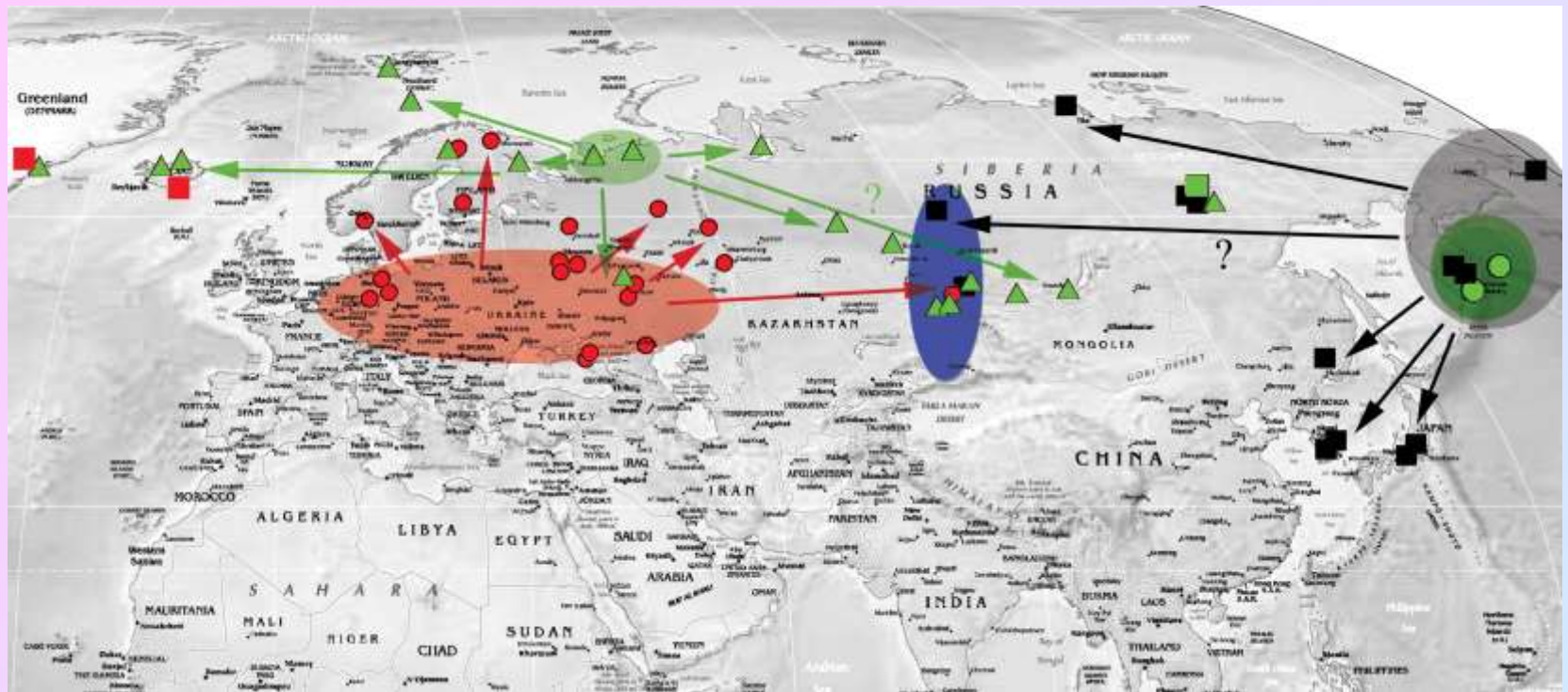


**Реликты:**

- \* «Ангарская фауна»
- \* Гренландия, Исландия

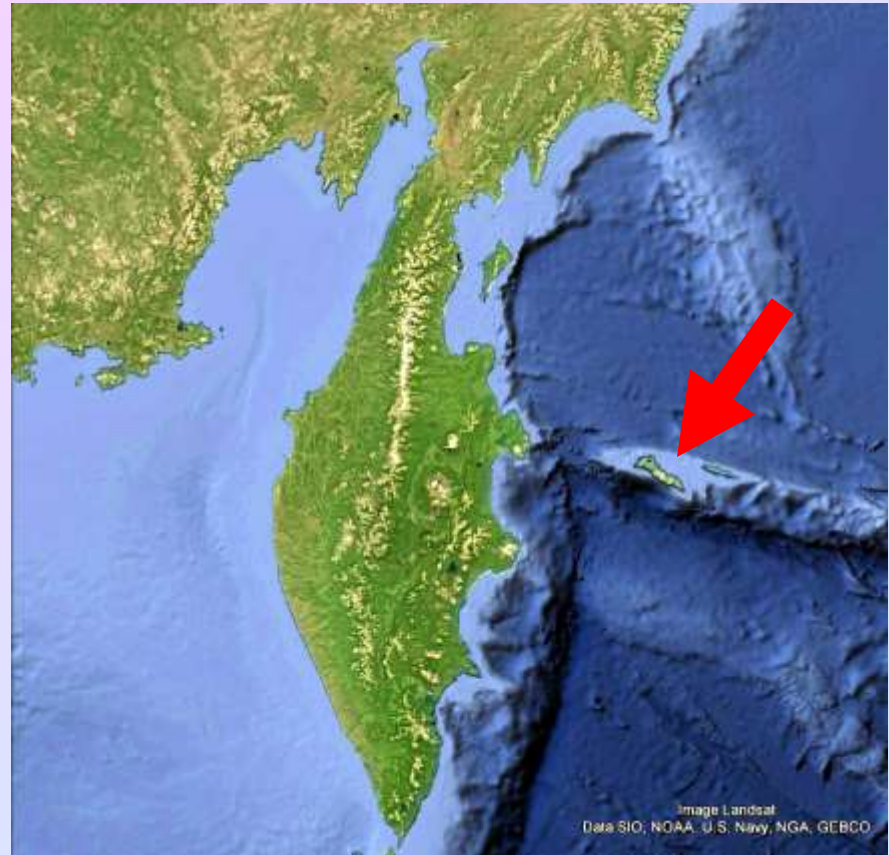
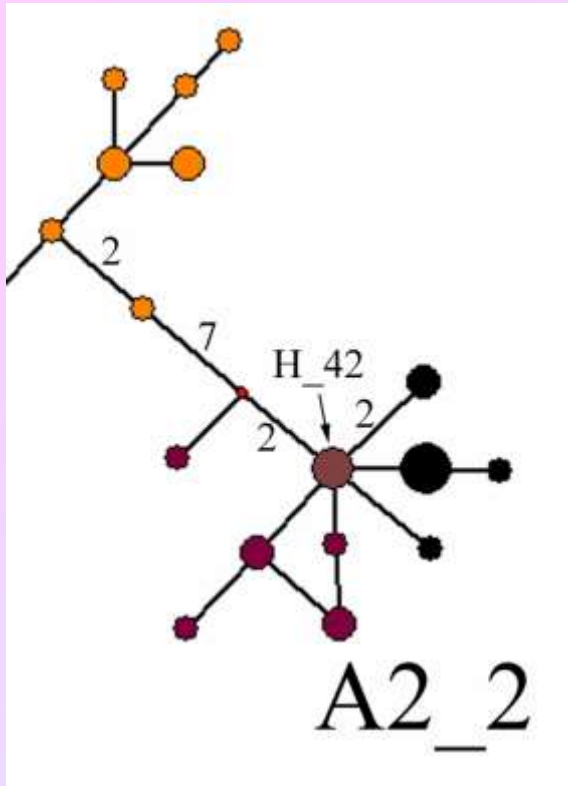
Median-joining cytochrome c oxidase subunit I (*COI*) haplotype network. Median vectors are indicated by small red circles. High-frequency haplotypes are labeled as well as the number of mutations for each branch (if not 1). Colors represent: grey – Northern Pacific (Iceland and Greenland); dark blue – southern to central portion of Western Europe; light blue – northern portion of Western Europe; light green – northern portion of European Russia; dark green – central to southern portion of European Russia; reddish – Eastern Siberia and south portion of Western Siberia; brown – continental Beringia (Kamchatka, Chukotka, Alaska); black – Bering Island; pink – Russian Far East, Korea and Japan; yellow – Arctic Canada.

# *Chydorus cf. sphaericus*



Распространение филогрупп в Северной Евразии

# Неоднократная независимая коллонизация Острова Беринга с территории «континентальной Берингии»



# Перигляциальные озера в Палеарктике в плейстоцене

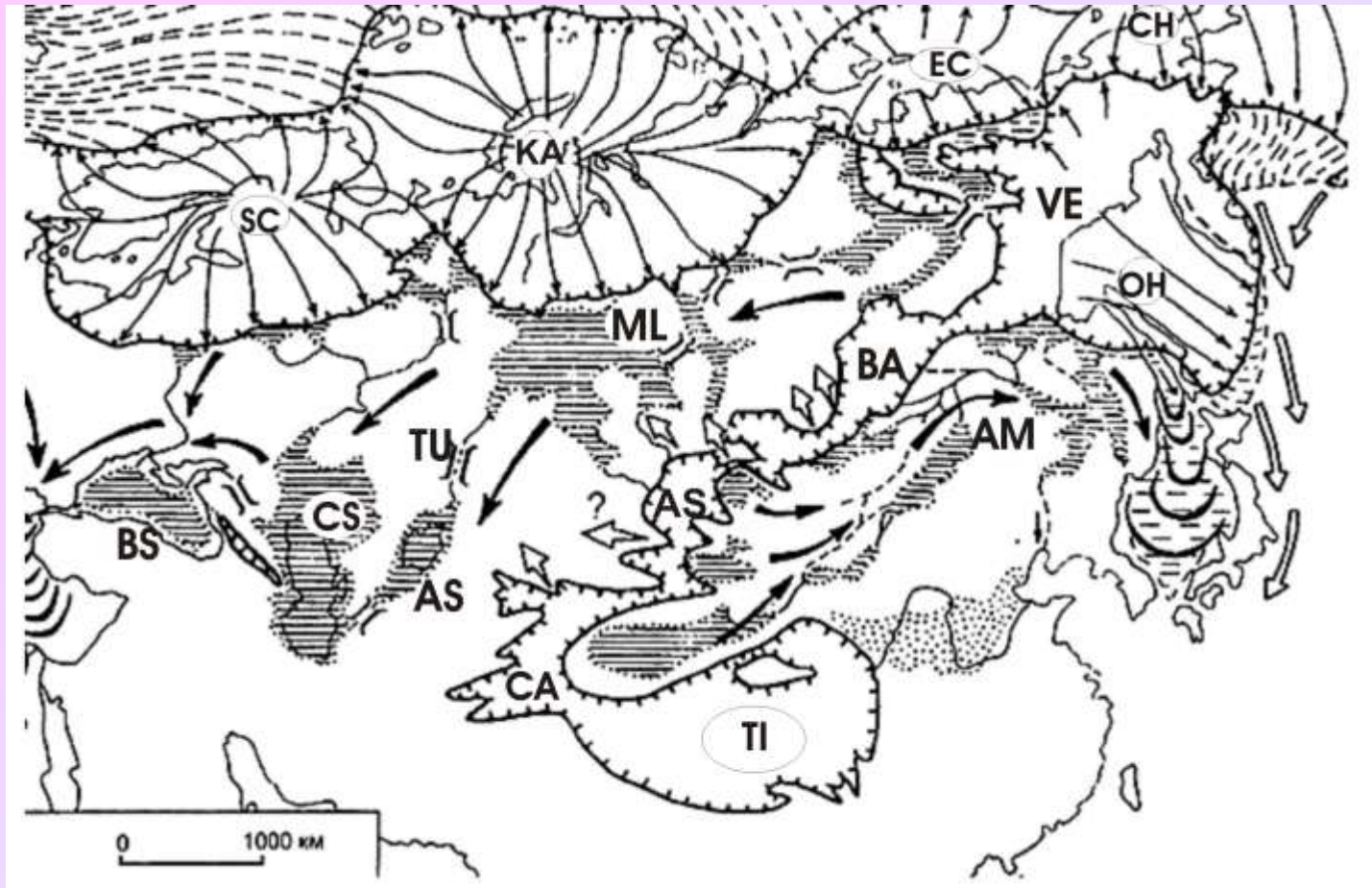


Fig. 1. Distribution of ice sheets, mountain glaciers, and ice-dammed lakes in Eurasia during the mid-Pleistocene era (according to Grosvald 1984) that influenced the distribution and range of moose. Major seas include the Aral (AS), Black (BS), and Caspian (CS). Glacial sheets include the Chukchi (CH), East Siberian (ES), Karskii (KA), Ohotskii (OH), and Scandinavian (SC). Mountain glaciers include the Altai (AS), Baikal (BA), Central Asian (CA), Tibetan (TI), and Verkhoyansk (VE). Other features include Lake Mansijskoe (ML), Amur River (AM), and the Turgaiskii trench (TU).

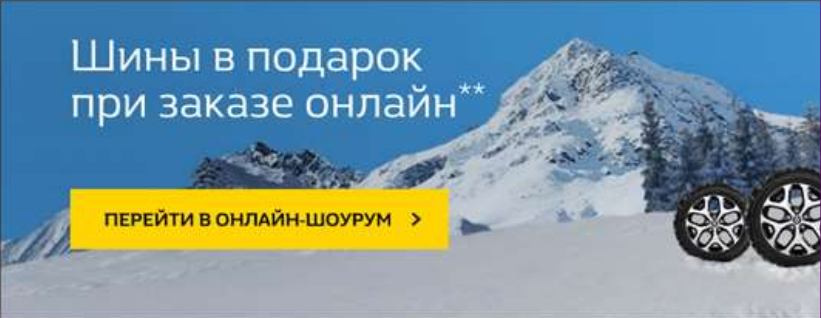


# Данные понравились прессе

ЭНЦИКЛОПЕДИЯ РЕГИОНЫ ИНТЕРВЬЮ ПРЕСС-ЦЕНТР КОНФЕРЕНЦИИ ФОТО ТЕСТЫ СПЕЦПРОЕКТЫ

**ТАСС** ИНФОРМАЦИОННОЕ АГЕНТСТВО РОССИИ

Личное время Политика В стране Международная панорама Экономика и б



Шины в подарок при заказе онлайн\*\*

ПЕРЕЙТИ В ОНЛАЙН-ШОУРУМ >


Индикатор

01	А	02	Б	03	Г	04	М	05	Мд	06	Нз	07	С	08
АСТРОНОМИЯ	БИОЛОГИЯ	ГУМАНИТАРНЫЕ НАУКИ	МАТЕМАТИКА И СЗ	МЕДИЦИНА	НАУКИ О ЗЕМЛЕ	СЕЛЬСКОЕ ХОЗЯЙСТВО	ТЕХНИЧЕСКИЕ НАУКИ							

БИОЛОГИЯ 30 ЯНВАРЯ

## Родом из Гипербореи: как ветвистоусые рачки расселились по Палеоарктике

Комментарии 0



Большая дафния (*Daphnia magna*)  
Wikimedia Commons

«Откуда есть пошли» ветвистоусые рачки Северной Евразии, как «молекулярные часы» помогают составлять родословные видов, как рачки путешествуют «во младенчестве», что такое биогеография, зачем

## Ученые МГУ и РАН: "водяные блохи" пришли в Европу из Коми

Наука 30 января, 17:09 UTC+3

В рамках исследования специалисты собрали образцы хидорусов, обитателей северных регионов, из многих водоемов России, а также Норвегии и Южной Кореи

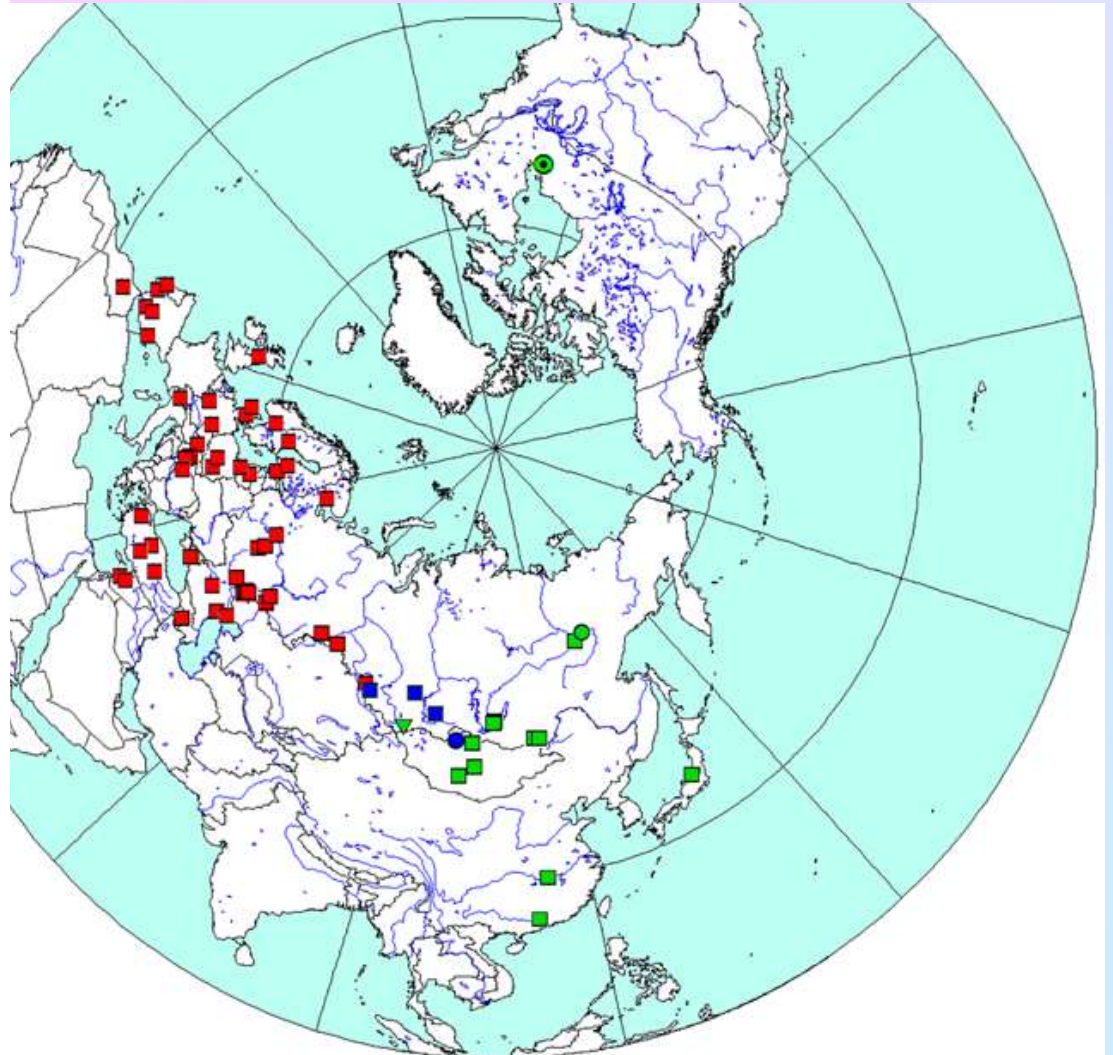
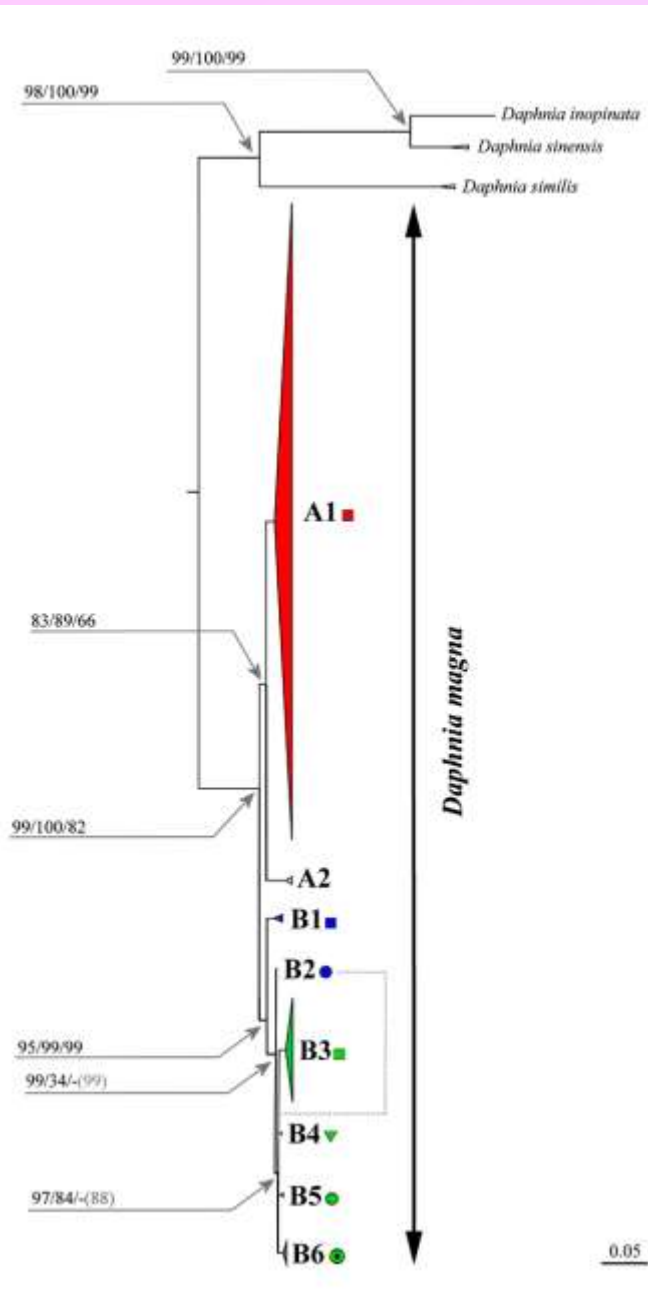
Поделиться

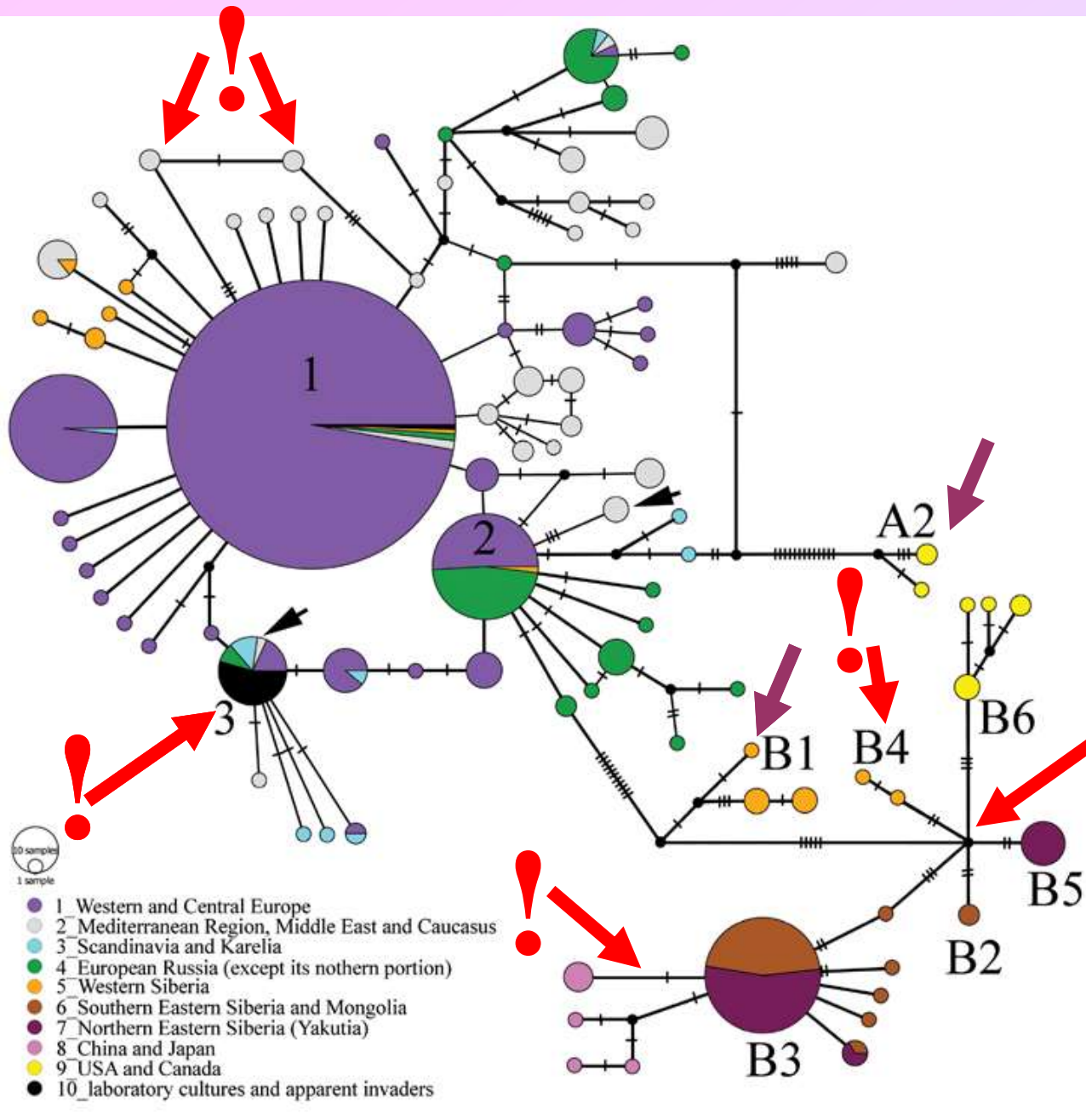


МОСКВА, 30 января. /ТАСС/. Российским ученым из МГУ и РАН удалось исследовать пути расселения по Северной Евразии ветвистоусых ракообразных ("водяных блох"), которыми кормятся многие сотни видов рыб. "Молекулярные часы" указали на очаг расселения в районе Коми. Результаты исследования опубликованы в научном журнале [PLOS ONE](#).

В отличие от предыдущих исследований, где изучались почти исключительно дафнии, в этой научной работе авторы сосредоточились на родственных дафниях хидорусах (*Chydorus sphaericus*) - рядовых и крайне обычных обитателях северных

# История с *Daphnia magna*





# Выводы

- 1) У ветвистоусых ракообразных выявляются "европейско-западносибирский" и "берингийский" фаунистический над-комплексы («типы фаун») с переходной зоной, располагающейся в бассейне Енисея, или немного западней, в бассейне Оби).
- 2) Берингийская зона была центром расселения по крайней мере некоторых таксонов по всей Восточной Палеарктике.
- 3) Как в Азиатской, так и в Европейской части России имеются как таксоны, которые пережили плейстоценовое оледенение в южных, так и в северных рефугиумах, расселение из которых шло на юг.
- 4) Восточная Сибирь и Северная Атлантика (Гренландия и Исландия) являются районами, где сохранились немногочисленные реликтовые эндемичные клады.
- 5) Проверка универсальности сформулированной выше схемы на примере других таксонов ветвистоусых ракообразных представляет собой абсолютно новую, масштабную и актуальную задачу биогеографии пресноводных животных в целом. В частности, подобные данные могут стать основой биогеографического районирования Северной Евразии в части пресных вод.

ТРЕТЬЯ НАУЧНАЯ ШКОЛА МОЛОДЫХ УЧЕНЫХ И СПЕЦИАЛИСТОВ ПО  
РЫБНОМУ ХОЗЯЙСТВУ И ЭКОЛОГИИ С МЕЖДУНАРОДНЫМ УЧАСТИЕМ,  
ПОСВЯЩЕННАЯ 140-ЛЕТИЮ СО ДНЯ РОЖДЕНИЯ К.М. ДЕРЮГИНА  
«ПЕРСПЕКТИВЫ РЫБОЛОВСТВА И АКВАКУЛЬТУРЫ В СОВРЕМЕННОМ  
МИРЕ»

## Спасибо!!!!

- \* Организаторам за приглашение выступить
- \* Собравшимся за внимание
- \* Коллегам-соавторам
- \* Коллегам, приславшим пробы
- \* РФФ, без которого не случилось бы генетической лаборатории



Е.И. Беккер

Д.П. Карabanов



Я.Р. Галимов

Т.В. Неретина



D.J. Taylor

С. Наag

