

ANALYSIS OF DIAGNOSTIC PARAMETERS OF RESPIRATORY FAILURE IN PATIENTS WITH BRONCHIAL ASTHMA

© 2015

D.A. Anisimov, a graduate student in the Department of faculty therapy
Mordovia State University of N.P. Ogarev, Saransk (Russia)

L.N. Goncharova, doctor of medical sciences, Professor in the Department of faculty therapy
Mordovia State University of N.P. Ogarev, Saransk (Russia)

A.A. Dyachkova, candidate of medical science, associate Professor in the Department of faculty therapy
Mordovia State University of N.P. Ogarev, Saransk (Russia)

Annotation. Respiratory failure (NAM)-a pathological condition in which there is provided the maintenance of normal blood gas or it is achieved through more intensive operation of external respiration and heart, resulting in decreased functional capacity of the organism [1,2].

The main method of diagnosis of DN is the study of the gas composition of the arterial blood, but because of the complexity of the analysis, which involves complex invasive techniques for obtaining arterial blood by puncture of a major artery in the therapeutic Department is not carried out [1,3].

A plurality of classifications days, the lack of clear criteria for diagnosis was to analyze assessment days by a combination of clinical, laboratory and instrumental methods patient days.

As a model of acute respiratory failure were selected from patients with mild intermittent and persistent severity of asthma, which bore a slight aggravation, burdened days 1 severity, number of 30 people. SatO₂ blood was the criterion for assessing the severity of DN.

In the evaluation of clinical parameters, such as shortness of breath and respiratory rate, it was revealed that the values of these parameters increase is inversely proportional to the drop SatO₂ blood.

In assessing such clinical parameters as the rate of breathing and instrumental measure FEV₁ did not find such dependence. Thus, to assess the severity of DN in patients with bronchial asthma it is necessary to conduct a comprehensive analysis of the clinical and instrumental methods.

Key words: respiratory failure; bronchial asthma.

УДК: 598.2: 598.829: 591.5

ГЕНЕТИЧЕСКАЯ ОСНОВА СИМПАТРИИ ЖЕЛТОЙ ТРЯСОГУЗКИ *MOTACILLA FLAVA* LINNAEUS, 1758 И ЖЕЛТОГОЛОВОЙ ТРЯСОГУЗКИ *MOTACILLA CITREOLA* PALLAS, 1776 (MOTACILLIDAE, PASSERIFORMES) В СРЕДНЕМ ПОВОЛЖЬЕ

© 2015

Е.А. Артемьева, доктор биологических наук, доцент, профессор кафедры зоологии

Ульяновский государственный педагогический университет им. И.Н. Ульянова, Ульяновск (Россия)

А.В. Мищенко, кандидат биологических наук, доцент, доцент кафедры зоологии

Ульяновский государственный педагогический университет им. И.Н. Ульянова, Ульяновск (Россия)

Д.К. Макаров, аспирант кафедры зоологии

Ульяновский государственный педагогический университет им. И.Н. Ульянова, Ульяновск (Россия)

Аннотация. Исследовалась генетическая основа симпатрии между гнездовыми популяциями желтой трясогузки *Motacilla flava* и желтоголовой трясогузки *Motacilla citreola* в Среднем Поволжье. Проведен филогеографический анализ нуклеотидных последовательностей митохондриального гена цитохром оксидазы I в средневожских популяциях желтой трясогузки *Motacilla flava* и желтоголовой трясогузки *M. citreola*. В рамках традиционно распознаваемых видов *M. flava* и *M. citreola* обнаружено существование самостоятельных линий, распространенных в европейской части России и сопредельных стран и связанных с наличием в средневожских популяциях подвидов *M. f. flava*, *M. f. thunbergi* и *M. c. citreola*, *M. c. werae* соответственно. При этом формы *M. c. citreola* и *M. c. werae* вследствие значительных генетических дистанций заслуживают присвоения им видового статуса. Несмотря на широкую симпатрию в местах гнездования, существует избирательное спаривание между самками и самцами каждого из исследованных видов, препятствующее свободному скрещиванию и поддерживающее изолирующие механизмы в популяциях.

Ключевые слова: фенотип; генотип; симпатрия; популяция; мтДНК; трясогузки; Среднее Поволжье.

Среди наиболее дискуссионных в таксономическом отношении среди воробьинообразных птиц особое место занимает политипический комплекс *Motacilla flava in sensu lato* [1, с. 27–38], формы которого характеризуются сложной изменчивостью [2, с. 52–58; 3, с. 504–633]. Наряду с экологическими и этологическими факторами репродуктивной изоляции у симпатричных видов птиц изолирующую роль могут играть и молекулярно-генетические особенности видов. Для выяснения родственных связей внутри таксонов необходим комплексный подход, сочетающий оценку изменчивости фенотипических и генотипических признаков видовых форм, в том числе на основе молекулярно-генетических методов [4, с. 744–758; 5, с. 24–34; 6, с. 21–28].

Цель работы: выявление генетической основы симпатрии в популяциях желтой трясогузки *Motacilla flava* и желтоголовой трясогузки *Motacilla citreola* в условиях совместного гнездования на территории

Среднего Поволжья.

Материалы и методы исследования

В качестве объекта молекулярно-генетического исследования выбраны политипические виды группы «желтых» трясогузок *Motacilla flava Linnaeus, 1758* и *Motacilla citreola Pallas, 1776* (Passeriformes, Motacillidae) подрода *Budytes Guw.* 1817 [17, 18]. Использованы 11 сухих проб крови *M. flava* на фильтровальной бумаге от 6–9.05.2012 г. и 9 сухих проб крови *M. citreola* на фильтровальной бумаге от 5–9.05.2012 г., собранных в окр. г. Нижнего Новгорода (пойма рр. Волги, Оки, очистные сооружения, заливные луга). Материал *M. flava*: самец *M. f. thunbergi*, 6.05.2012, луга, номер кольца ХН 51036; самец *M. f. thunbergi*, 6.05.2012, номер кольца ХН 51039; самец *M. f. flava*, 7.05.2012, номер кольца ХН 51046; самец *M. f. flava*, 7.05.2012, номер кольца ХН 51048; самка *M. f. flava*, 7.05.2012, номер кольца ХН 51051; самец *M. f. thunbergi*, 7.05.2012, номер кольца ХН 51052; самец *M. f. flava*, 8.05.2012, номер кольца

ХН 51053; самец *M. f. thunbergi*, 8.05.2012, номер кольца ХН 51058; самец *M. f. thunbergi*, 8.05.2012, номер кольца ХН 51060; самец *M. f. flava*, 9.05.2012, номер кольца ХН 51067; самка гибридная, 9.05.2012, номер кольца ХН 50736 (перелов с 2011 г.). Материал *M. citreola*: самец *M. c. citreola*, 5.05.2012, номер кольца ХН 47691; самка *M. c. werae*, 7.05.2012, номер кольца ХН 51041; самка *M. c. citreola*, 7.05.2012, номер кольца ХН 51042; самец *M. c. werae*, 7.05.2012, номер кольца ХН 51043; самец *M. c. citreola*, 7.05.2012, номер кольца 51044; самка *M. c. citreola*, 7.05.2012, номер кольца ХН 51045; самец *M. c. werae*, 7.05.2012, номер кольца ХН 51047; самец *M. c. werae*, 7.05.2012, номер кольца ХН 51049; самец гибридный, 9.05.2012, номер кольца ХН 51068.

Для сравнения использовался музейный материал фондов Зоологического института РАН (г. С.-Петербург) – 134 экз., Зоологического музея МГУ (г. Москва) – 142 экз., Зоологического музея СГУ (г. Саратов) – 33 экз., Кировского городского зоологического музея – 53 экз., Пензенского государственного краеведческого музея – 9 экз., Зоологического музея ПГПУ им. В.Г. Белинского – 15 экз., а также материалы полевых исследований 1978–2012 гг. (данные А.А. Яковлева, В.А. Яковлева и Г.Н. Исакова по Чувашии (643 экз.), данные по Ульяновской области (397 экз.), по Пензенской (432 экз.), Саратовской (67 экз.), Волгоградской (25 экз.) областях, Казахстану (33 экз.) и в рамках регионального гранта РФФИ Поволжье 2009–2010 гг. (492 экз.). Общий объем исследованного материала составляет 2462 экз.

Сбор проб для генетических исследований был произведен по методу неразрушающей выборки – брались пробы крови, для которого птицы отлавливались паутинной орнитологической сеткой, снимались показатели морфометрии и признаки окраски оперения, проводилось кольцевание. Образцы крови были взяты у птиц во время кольцевания из плечевой вены с помощью *IsoCode STIXTM* бумаги. Специальная бумага с пропиткой, которая может быть легко использована в полевых условиях, что значительно сокращает стрессовое воздействие, так как забирается всего 1–2 капли, равной 10–12 μl – количество, достаточное для генетических экспертиз [6, с. 21–28].

Выделение ДНК из сухих проб крови на бумаге (*CosmoBio*, *Schleicher&SchuellBiosciences*) проводилось с использованием набора *GeneJET Whole Blood Genomic DNA Purification Mini Kit (Thermo Scientific)*. Образцы срезались с бумажного носителя, гомогенизировались и помещались для инкубации в лизисный раствор (*Lysis Solution*, *Thermo Scientific*), содержащий протеиназу К (56°C, 15 минут). Далее проводилось осаждение ДНК 96% этанолом и выделение на силиконовых колонках (*GeneJET Genomic DNA Purification Columns*, *Thermo Scientific*).

В качестве генетического маркера использован фрагмент гена цитохром с-оксидазы I (COI). Для амплификации интересующего участка использован следующий состав ПЦР-смеси (на 20 мкл): dNTP (250 мкМ), праймеры (0.5 мкМ), буфер (1X), taq-полимераза (10 ед.), ДНК-матрица (1 мкл), деионизированная вода (до конечного объема). Полимеразная цепная реакция проводилась с использованием термоциклера *FlexCycler (Analytik Jena)* при следующих температурных параметрах: денатурация ДНК–94°C, 2 мин.; 30 циклов при условиях: денатурация ДНК–94°C, 30 сек., отжиг праймеров – 55°C, 30 сек., элонгация – 72°C, 40 сек.; достройка цепей–72°C, 5 мин. Оценку результатов реакции и разделение фрагментов проводили в 1% аналитическом агарозном геле, после чего готовился препаративный гель, из которого проводили выделение и очистку интересующего фрагмента (при помощи набора *GeneJET Gel Extraction Kit (Thermo Scientific)*). Очищенные продукты амплификации одинаковой

длины секвенировались с использованием капиллярного генетического анализатора *ABI PRISM 3500 (Life Technologies)* (с предварительным проведением сиквенсовой реакции с флуоресцентно-мечеными дезоксирибонуклеотидами (*ddNTP*) и последующей очисткой набора терминированных фрагментов). Полученные последовательности выравнивались с использованием программы *ClustalW2 (EMBL-EBI)*, генетические дистанции между особями определялись с помощью программы *MEGA 4*.

Результаты

Проведена морфометрия по стандартным методикам, определены основные признаки окраски оперения самцов и самок желтой трясогузки *M. flava* и желтоголовой трясогузки *M. Citreola*. Проведен попарный корреляционный анализ признаков окраски оперения и морфометрии, после чего определены наиболее информативные признаки (некоррелирующие друг с другом и ни с одним из остальных признаков): для *M. flava* – длина цевки, длина тела, окраска усов, для *M. citreola* – длина цевки, длина тела, ожерелье. В результате кластеризации результатов попарного корреляционного анализа признаков окраски оперения и морфометрии методом Варда выявлены три кластера желтой трясогузки *M. flava*, которые связаны с наличием в выборке особей подвидов *M. f. flava*, *M. f. beema* и *M. f. Thunbergi*. Одна особь оказалась гибридной, а также три кластера особей желтоголовой трясогузки *M. citreola*, которые связаны с наличием в выборке особей подвидов *M. c. citreola* и *M. c. werae*, две особи оказались гибридными.

В результате выравнивания и анализа последовательностей цитохром оксидазы I между окольцованными особями трясогузок модельных видов получены генетические дистанции (табл. 1, 2).

Таблица 1
Генетические дистанции между изученными особями желтых трясогузок *Motacilla flava* в средневольтских популяциях

Номер особи	XН 51067	XН 51060	XН 51058	XН 51053	XН 51052	XН 51051	XН 51048	XН 51046	XН 51039	XН 51036	XН 50736
XН 51067	-	0.009	0.009	0.009	0.009	0.009	0.009	0.003	0.009	0.009	0.014
XН 51060	0.009	-	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.006	0.000	0.000	0.006
XН 51058	0.009	0.000	-	0.000	0.000	0.000	0.000	0.006	0.000	0.000	0.006
XН 51053	0.009	0.000	0.000	-	0.000	0.000	0.000	0.006	0.000	0.000	0.006
XН 51052	0.009	0.000	0.000	0.000	-	0.000	0.006	0.006	0.000	0.000	0.006
XН 51051	0.009	0.000	0.000	0.000	0.000	-	0.000	0.006	0.000	0.000	0.006
XН 51048	0.009	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	-	0.006	0.000	0.000	0.006
XН 51046	0.003	0.006	0.006	0.006	0.006	0.006	0.006	-	0.006	0.006	0.011
XН 51039	0.009	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.006	-	0.000	0.006
XН 51036	0.009	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.006	0.000	-	0.006
XН 50736	0.014	0.006	0.006	0.006	0.006	0.006	0.006	0.011	0.006	0.006	-

В пределах вида *M. flava* максимальные генетические дистанции между собой имеют образцы ХН 50736 (взятая для сравнения самка *M. citreola*, гибридная) и ХН 51067 (0.014), а также ХН 51046 (0.011), что вполне соответствует видовому уровню различий. Образцы ХН 51067 и ХН 51036, ХН 51039 удалены между собой на генетическое расстояние 0.009, что, вероятно, соответствует уровню подвидов. Образцы ХН 51046 и ХН 51036, ХН 51039 разделяет генетическая дистанция, равная 0.006, что также может указывать на подвидовые различия. При этом образцы ХН 51067 и ХН 51046 оказались генетически достаточно близки между собой (генетическая дистанция 0.003) по гену цитохром оксидаза. Наконец, максимальное генетическое сходство показывают образцы ХН 51048; ХН 51051; ХН 51052; ХН 51053; ХН 51058; ХН 51060, ХН 51036, ХН 51039, между которыми генетическая дистанция равна 0.000. Таким образом, генетическая структура средневольтских популяций *M. flava* представлена тремя подвидами – *M. f. flava* (образец ХН 51046), *M. f. beema* (образец ХН 51067) и *M. f. thunbergi* (образцы ХН 51036, ХН 51039). Остальные особи представляют гибридную группу *flava-thunbergi* (образцы ХН 51048, ХН 51051, ХН 51052, ХН 51053, ХН 51058, ХН 51060), что под-

тверждает гипотезу гибридизации этих подвидов в местах совместного гнездования в условиях широкой симпатрии. Средневожские популяции *M. flava* содержат разные подвидовые формы в соотношении: 63.64% *flava-thunbergi*: 18.18% *thunbergi*:

Таблица 2
 Генетические дистанции между изученными особями желтоголовых трясогузок *M. citreola* в средневожских популяциях

Номер помета	ХН 51047	ХН 51049	ХН 51041	ХН 51068	ХН 51045	ХН 51042	ХН 47691	ХН 51043	ХН 51044
ХН 51047	-	0.011	0.007	0.007	0.011	0.004	0.004	0.004	0.011
ХН 51049	0.011	-	0.004	0.004	0.015	0.007	0.007	0.007	0.015
ХН 51041	0.007	0.004	-	0.000	0.011	0.004	0.004	0.004	0.011
ХН 51068	0.007	0.004	0.000	-	0.011	0.004	0.004	0.004	0.011
ХН 51045	0.011	0.015	0.011	0.011	-	0.007	0.007	0.007	0.015
ХН 51042	0.004	0.007	0.004	0.004	0.007	-	0.000	0.000	0.007
ХН 47691	0.004	0.007	0.004	0.004	0.007	0.000	-	0.000	0.007
ХН 51043	0.004	0.007	0.004	0.004	0.007	0.000	0.000	-	0.007
ХН 51044	0.011	0.015	0.011	0.011	0.015	0.007	0.007	0.007	-

В пределах вида *M. citreola* максимальные генетические дистанции имеют образцы ХН 51045 и ХН 51044, ХН 51049 (0.015), что соответствует видовому уровню. На достаточно далеких генетических дистанциях находятся образцы ХН 51047, ХН 51041, ХН 51068 (самец гибридный), в этом случае генетическая дистанция равна 0.011, что также, вероятно, может соответствовать видовому уровню. Генетическую дистанцию, равную 0.007, имеют образцы ХН 47691, ХН 51042, ХН 51043, что может указывать на подвидовой уровень. Большая часть особей имеет генетическую дистанцию 0.004, что также показывает подвидовой уровень различий между ними. Максимальное генетическое сходство показывают образцы ХН 51042, ХН 51043, ХН 47691, ХН 51041, ХН 51068 (самец гибридный), между которыми генетическая дистанция равна 0.000.

Таким образом, генетическая структура средневожских популяций *M. citreola* представлена двумя подвидами—*M. c. citreola* (образцы ХН 51045, ХН 51044), *M. c. werae* (образцы ХН 51047, ХН 51049). Остальные особи представляют гибридную группу *citreola-werae* (образцы ХН 47691, ХН 51041, ХН 51042, ХН 51043, ХН 51068), что, вероятно, также подтверждает гипотезу гибридизации этих двух подвидов в местах совместного гнездования в условиях симпатрии. Средневожские популяции *M. citreola* представлены двумя подвидовыми формами в соотношении: 55.56% *citreola-werae*: 22.22% *citreola*: 22.22% *werae*.

Обсуждение результатов

Средневожские популяции *M. flava* характеризуются достаточно высокой степенью генетической дифференциации, которая ведет к генетической дивергенции. Подвидовые формы *M. f. flava* и *M. f. beema* наиболее близки между собой (генетическая дистанция 0.003), подвидовая форма *M. f. thunbergi* наиболее удалена от них (генетическая дистанция 0.009). В средневожских популяциях присутствует гибридная промежуточная форма *flava-thunbergi*, особи которой составляют основу местных популяций (генетическая дистанция 0.006 по отношению к остальным формам). Все особи *M. flava* значительно удалены от взятой для сравнения особи близкого симпатричного вида *M. citreola* (генетические дистанции 0.011; 0.014), также гнездящегося на исследуемой территории. Оба вида в настоящее время находятся в состоянии генетической дифференциации, которая является изолирующим механизмом в условиях симпатрии.

Генетическая дивергенция средневожских популяций *M. citreola* по сравнению с таковой у *M. flava* выражена сильнее—генетические дистанции между представителями подвидов *M. c. citreola* и *M.*

werae доходят до 0.011 и 0.015. При этом между представителями внутри обоих подвидов генетические дистанции также сохраняют высокий уровень – 0.011, достигая видového уровня. Последовательности митохондриального гена цитохром оксидаза оказались различны в большинстве сухих проб, маркирующих популяции, что говорит о генетической дифференциации с последующей дивергенцией популяций модельных видов трясогузок в Среднем Поволжье.

Заключение

В результате проведенных исследований выявлен уровень генетической дифференциации и дивергенции в популяциях желтой трясогузки *Motacilla flava* и желтоголовой трясогузки *Motacilla citreola* в условиях симпатрии на территории Среднего Поволжья.

Генетическая структура средневожских популяций желтой трясогузки *M. flava* и желтоголовой трясогузки *M. citreola* неоднородна. Выявлены субпопуляции, в которых преобладают подвиды *M. f. flava*, *M. f. beema* и *M. f. thunbergi*, подвиды *M. c. citreola* и *M. c. werae*, кроме этого присутствуют и гибридные особи между подвидовыми формами в пределах каждого из модельных видов. Выявлены наиболее информативные признаки морфометрии и окраски оперения у *M. flava*—длина цевки, длина тела и окраска усов, у *M. citreola*—также длина цевки и длина тела, кроме этих признаков—наличие ожерелья.

Подвидовые формы *M. flava*—*M. f. flava*, *M. f. beema*, *M. f. thunbergi* входят в западный комплекс форм *M. flava*; подвидовые формы *M. citreola*—*M. c. citreola*, *M. c. werae* составляют отдельную генетическую ветвь политипической группы *M. flava* s.l. [7, с. 1–19; 8, с. 38–40, 65–67; 9, с. 131–142]. На территории Северо-Западной и Северной Европы распространена форма *M. f. thunbergi*, где на гнездовании также встречаются смешанные популяции *M. f. flava* и *M. f. thunbergi*. На протяжении своего ареала самцы черноухой формы *M. f. thunbergi* обитают симпатрично с белобровой формой *M. f. flava* и белоухой формой *M. f. beema*, образуют все варианты переходов между этими формами посредством гибридизации. На территории Среднего Поволжья генетическая дифференциация и дивергенция в популяциях *M. flava* и *M. citreola* в условиях широкой симпатрии отражает механизмы репродуктивной изоляции форм видového и подвидového ранга и является результатом микроэволюции группы—политипического комплекса *M. flava*.

Авторы выражают искреннюю признательность В.М. Лоскоту и В.А. Паевскому за курирование работы с коллекционными фондами ЗИНа, А.И. Мацыне и Е.Л. Мацыне за возможность работы и практическую помощь на станции кольцевания птиц Экоцентра «Дронт», В.Г. Шубовичу за помощь в работе с программой *Statistica 10*. Данное исследование проведено при поддержке ФЦП Минобрнауки РФ «Госзадание—2014/391 за 2014 г.», проект №2607.

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1. Зарудный Н.А. О гибридах между *Budytes flava* L. и *Budytes campestris* Pall. // Труды Санкт-Петербургского общества естествоиспытателей. Отдел зоологии и физиологии, 1891. Т. 22. Вып. 1. С. 27–38.
2. Муравьев И.В., Артемьева Е.А., Беме И.Р. Географическое распространение, биотопы гнездования и численность желтоголовой трясогузки *Motacilla citreola* Pallas, 1776 (Passeriformes, Motacillidae) в Среднем Поволжье // Вестн. Моск. Ун-та. Сер. 16. Биология. Фауна, флора, 2014. №3. С. 52–58.
3. Cramp S. The Birds the Western Palaearctic // Oxford Univ. Press., 1988. P. 1–1063.
4. Pavlova A., Zink R., Drovetski S.V., Red'kin Y., Rohwer S.A. Phylogeographic patterns in *Motacilla flava* and *Motacilla citreola*: species limits and populations history // Auk. 2003. Vol. 120. №3. P. 744–758.

5. Артемьева Е.А., Муравьев И.В. К истории изучения изменчивости окраски оперения «желтых» трясогузок (Passeriformes, Motacillidae, Motacillinae): от Н.А. Зарудного до наших дней // Материалы международной конференции «Наземные позвоночные животные аридных экосистем», посвященной памяти Н.А. Зарудного (24–27 октября; 2012; Ташкент). Ташкент: Chino ENK, 2012. С. 24–34.

6. Vili N., Chavko J., Szabó K., Kovács S., Hornung E., Kalmár L., Horváth M. 2009: Genetic structure of the Imperial Eagle (*Aquila heliaca*) population in Slovakia. *Slovak Rapt J.* 2009. №3. P. 21–28.

7. Редькин Я.А. Таксономические отношения форм в эволюционно молодых комплексах птиц на примере

рода *Motacilla* L., 1785 (таксономическая ревизия подрода *Budytes*): Автореф. дис. ... канд. биол. наук. М.: МГПИ, 2001. 19 с.

8. Артемьева Е.А., Муравьев И.В. Симпатрия «желтых» трясогузок (Passeriformes, Motacillidae, Motacillinae): география, экология, эволюция. Части 1, 2. М.: Флинта–Наука, 2012б. 152 с., 200 с.

9. Artemieva E.A., Muraviev I.V., Beme I.R. Yellow Wagtail *Motacilla flava* Linnaeus, 1758 (Passeriformes, Motacillidae, Motacillinae), in the Middle Volga Region: Geographical Distribution, Nesting Biotopes, and Numbers // *Moscow Univ. Biol. Sci. Bull.* 2013. Vol. 68. №3. P. 131–142.

GENETIC BASE FOR SYMPATRY OF YELLOW WAGTAIL *MOTACILLA FLAVA* LINNAEUS, 1758 AND YELLOW-HEADED WAGTAIL *MOTACILLA CITREOLA* PALLAS, 1776 (MOTACILLIDAE, PASSERIFORMES) IN THE MIDDLE VOLGA REGION

© 2015

E.A. Artemyeva, doctor of Biological Sciences, Associate Professor, Professor at the Department of Zoology

I.N. Ulyanov Ulyanovsk State Pedagogical University, Ulyanovsk (Russia)

A.V. Mishchenko, Candidate of Biological Sciences, Associate Professor, Associate Professor at the Department of Zoology

I.N. Ulyanov Ulyanovsk State Pedagogical University, Ulyanovsk (Russia)

D.K. Makarov, post-graduate student of department of Zoology

I.N. Ulyanov Ulyanovsk State Pedagogical University, Ulyanovsk (Russia)

Annotation. We investigated the genetic basis between sympatric breeding population yellow wagtail *Motacilla flava* and yellow-headed wagtail *Motacilla citreola* in the Middle Volga region. We lead the phylogeographic analysis of the nucleotide sequences in the mitochondrial gene of oxidase I cytochromes in yellow wagtail *Motacilla flava* and yellow-headed wagtail *M. citreola* populations of Middle Volga. As part of the traditionally recognized species *M. flava* and *M. citreola* revealed the existence of separate lines, common in the European part of Russia and neighboring countries and associated with the presence of Middle Volga populations of subspecies of *M. f. flava*, *M. f. thunbergi* and *M. c. citreola*, *M. c. werae* respectively. The forms of *M. c. citreola* and *M. c. werae* due to significant genetic distances deserve assigning them the status of the species. These results suggest that, despite the broad sympatry in nesting places, there is a selective mating between males and females of each species studied, which prevents from the free crossing and supports the insulating mechanisms in populations.

Keywords: phenotype; genotype; sympatry; population; mitochondrial DNA; wagtails; Middle Volga region.

УДК 595.4

ХИЩНИКИ И ПАЗАРИТЫ ПАУКОВ (ARANEI) САМАРСКОЙ ОБЛАСТИ

© 2015

Е.А. Белослудцев, заведующий отделом позвоночных животных зоологического музея им. Д.Н.Флорова

Поволжская государственная социально-гуманитарная академия, Самара, (Россия)

Аннотация. Пауки–хищники и нередко массовые выполняют важную роль в регуляции численности насекомых и других беспозвоночных животных. Однако значение пауков как истребителей членистоногих несколько снижается из-за большого количества имеющихся у них естественных врагов. На пауков ведут охоту ради пропитания животные из классов Reptilia и Amphibia. Выкармливают своих птенцов пауками птицы (Aves). Используют в пищу пауков *Mantispa styriaca* L. (Neuroptera). Ловят и относят в муравейник пауков муравьи из родов *Formica* и *Murgina*. На теле пауков паразитируют некоторые виды из отряда Diptera и подкласса Acarina. Для выкармливания своих личинок запасают в своих ячейках пауков роющие осы (Sphecidae). Самыми опасными и многочисленными врагами пауков являются дорожные осы из семейства Pompilidae отряда перепончатокрылых (Hymenoptera). Пауки могут представлять угрозу и для других пауков, то есть использовать в пищу не только другие виды пауков, но и молодых особей своего вида. В нашей работе приводятся данные о 39 видов пауков, обитающих в Самарской области, для которых обнаружено более 48 видов хищников и паразитов.

Ключевые слова: пауки; хищники; паразиты.

Пауки–хищники и нередко массовые выполняют важную роль в регуляции численности насекомых и других беспозвоночных [1]. Однако значение пауков как истребителей членистоногих несколько снижается из-за большого количества имеющихся у них естественных врагов. Поэтому мы решили выяснить, кто охотится на пауков или паразитирует на них в условиях Самарской области.

Пауки служат пищей птицам и используются ими для выкармливания птенцов, так как являются мягким и легко перевариваемым кормом [2]. Например, паук крестовик, обычный объект питания королек, гаечек

и хохлатых синиц, а *Larinioides cornutus* Cl.–овсянки–крошки и пеночки веснички [3]. А вот доля пауков в пище птенцов лазоревки достигает до 50% [4]. На пауков охотятся и ящерицы, до 8,6% от объема пищи было найдено араней в желудке прыткой ящерицы. Обыкновенная жаба предпочитает пауков рода *Pardosa* и других крупных Lycosidae [1].

Одним из активных хищников пауков Самарской области является мантиспа–*Mantispa styriaca* L. (Neuroptera). Личинка ее выходит из красного яйца, проводит без пищи зиму, а весной выскидывает самку паука из семейства Lycosidae, забирается в кокон,