

обучении модели. Архитектура ResNet101, предобученная на ImageNet, была обучена во фреймворке PyTorch для задачи многоклассовой классификации. Была замерена точность на новых фотографиях, сделанных в других условиях.

На обучающей и валидационной выборках модель показала 100% точность, а при повторном фотографировании 21 особи было верно идентифицировано 12 (57%), что объясняется «переобучением» на нашем датасете, обусловленным маленьким количеством фотографий каждой особи (15 фото). ResNet101 является широко применяемой архитектурой (не специализированной для задачи распознавания индивидуальных объектов) и требует большего количества фотографий на класс (особь), а наша выборка была относительно маленькой.

Полученные результаты дают основание для дальнейшей работы по адаптации специализированных архитектур, устойчивых к переобучению, которые могут предоставить большую точность индивидуальной идентификации, достаточную для применения в реальных условиях, а также возможность составлять базу данных по единственной фотографии на особь.

устный доклад

ПРИМЕНЕНИЕ ГЕНЕТИЧЕСКИХ МЕТОДОВ ДЛЯ УСТАНОВЛЕНИЯ ВИДОВОЙ ДИФФЕРЕНЦИАЦИИ У СКАЛЬНЫХ ЯЩЕРИЦ КОМПЛЕКСА *DAREVSKIA* (*CAUCASICA*) (LACERTIDAE: SAURIA)

П.А. ДЖЕЛАЛИ^{1*}, И.В. ДОРОНИН¹, К.Ю. ЛОТИЕВ², Л.Ф. МАЗАНАЕВА³,
Г.А. МУСТАФАЕВА⁴, С.Н. БУНЬЯТОВА⁴

¹Зоологический институт РАН, Санкт-Петербург, *p.dzhelali@gmail.com

²Комплексный научно-исследовательский институт имени Х. И. Ибрагимова РАН,
Грозный

³Дагестанский государственный университет, Махачкала

⁴Институт зоологии НАНА, Баку, Азербайджан

**Application of genetic methods for species delimitation in rock lizards of *Darevskia*
(*caucasica*) complex (Lacertidae: Sauria)**

**P.A. Dzhelali^{1*}, I.V. Doronin¹, K. Yu. Lotiev², L.F. Mazanaeva³, G.A. Mustafaeva⁴,
S.N. Bunyatova⁴**

¹Zoological Institute of Russian Academy of Sciences; 199034, St. Petersburg,
Universitetskaya nab. 1; *p.dzhelali@gmail.com

²Ibragimov Complex Institute of the Russian Academy of Sciences; 364051 Grozny,
Staropromyslovskoe highway, 21a

³Dagestan State University; 367001 Makhachkala, M. Gadzhiev st. 43a

⁴Institute of Zoology, ANAS; AZ1004 Baku, A. Abbaszade str., 1128 kvartal, 504 proezd

We report the results of the phylogenetic and ASAP analyses based on 77 sequences (cyt b and MCR1) of *D. alpina*, *D. c. caucasica*, *D. c. vedenica* and *D. daghestanica*. The average p-distance (cyt b) between the representatives of *Darevskia (caucasica)* complex was $(11.13 \pm 2.53)\%$. *Darevskia alpina* was closer to the species of the *Darevskia (saxicola)* complex (p-distances 4.33–5.34%). The genetic distances calculated using MC1R data were 10 times lower ($1.11 \pm 0.25\%$). The distances between the representatives of the *Darevskia (caucasica)* and *Darevskia (saxicola)* varied from 1.02 to 1.26%. According to the results of phylogenetic analysis (cyt b), we recovered four clades corresponding to *D. alpina*, *D. c. caucasica*, *D. c. vedenica* and *D. daghestanica*. *D. c. caucasica* was subdivided into two subclades (5.36%). *D. alpina* sequences were in the same clade with *Darevskia (saxicola)*. According to nDNA data, *D. c. vedenica* was the most distant from the other representatives of complex and was separated from *D. alpina* and *D. c. caucasica* by six nucleotide substitutions. The MC1R haplotype of South Ossetian *D. c. caucasica* is isolated from other *D. c. caucasica* haplotypes and belongs to the same haplogroup with *D. alpina*. ASAP analysis (cyt b) showed the presence of a «barcoding gap» (JC69 distance) at the level of 2–5%. Five groups were identified (*D. alpina*, South Ossetian *D. c. caucasica* and North Caucasian *D. c. caucasica*, *D. c. vedenica* and *D. daghestanica*). The ASAP analysis performed on the MC1R did not reveal a clear «barcoding gap».

Darevskia (caucasica) — надвидовой комплекс, включающий эндемиков Большого Кавказа. Представители этого комплекса распространены от Черного до Каспийского побережья. Таксономический статус ее членов, а также объем комплекса, вызывает споры исследователей.

В нашей работе было использовано 48 последовательностей мтДНК и 29 последовательностей яДНК. Для построения филогенетических деревьев применялись ML и Байесов алгоритмы. С помощью «Barcoding gap» (ASAP) оценивали уровень филогенетической дифференциации внутри комплекса. Гаплотипические сети строили методом TCS. При анализе последовательностей cyt b обнаружены 285 переменных позиций и 39 уникальных гаплотипов. В результате анализа последовательностей MC1R выявлено 25 переменных позиций; с помощью Phase 2.1 реконструировано 58 гаплотипов. Среди них 28 оказались уникальными.

По митохондриальному маркеру средняя величина р-дистанций между всеми изученными выборками представителей комплекса *Darevskia (caucasica)* составила $(11.13 \pm 2.53)\%$, минимальная — между *D. c. caucasica* и *D. daghestanica* (8.16%), максимальная — между *D. c. vedenica* и *D. alpina* (14.01%). *D. alpina* сближается с видами комплекса *Darevskia (saxicola)* (р-дистанции 4.33–5.34%). По ядерному маркеру средняя величина р-дистанций между изученными выборками *Darevskia (caucasica)* составила $(1.11 \pm 0.25)\%$, минимальная — между *D. alpina* и *D. c. caucasica* (0.74%), максимальная — между *D. c. vedenica* и *D. daghestanica* (1.39%). В среднем генетические дистанции между представителями комплекса, рассчитанные по MC1R, в 10 раз ниже, чем при анализе по cyt b. Генетические дистанции между представителями комплекса *Darevskia (caucasica)* и *Darevskia (saxicola)* находились в пределах от 1.02 до 1.26%.

По результатам филогенетической реконструкции (сyt b) можно обозначить четыре клады. Кладу А образует *D. c. vedenica* Восточного Кавказа; кладу В составила выборка *D. c. caucasica* с Центрального Кавказа, в которой можно выделить две субклады (р-дистанция 5.36%); кладу С — восточнокавказская *D. daghestanica*; и кладу D — западнокавказская и центрально-западнокавказская *D. alpina*, образующие две субклады (3.58%). Образцы *D. c. vedenica* достоверно сформировали кладу, близкую к номинативному подвиду кавказской ящерицы.

С целью проверки гипотезы о монофилетичности комплекса была построена схема филогенетических отношений (мтДНК) с включением представителей *Darevskia (saxicola)*. Нуклеотидные последовательности *D. alpina* вошли в одну кладу с *Darevskia (saxicola)*, образовав единую субкладу с *D. brauneri* (5.34%).

На медианной сети гаплотипов (сyt b) *D. c. caucasica* образует две гаплогруппы, обособленные друг от друга на 52 замены и соответствующие двум субкладам на филогенетическом дереве. Гаплотипы *D. c. vedenica* отстоят от гаплотипов *D. c. caucasica* на 85 замен. *D. daghestanica* представлена тремя гаплогруппами, обособленными друг от друга на 6–10 замен. Последовательности альпийской ящерицы образуют две гаплогруппы (отделены 23 заменами), что совпадает с субкладами на схеме филогенетических отношений (по данным мтДНК).

В отличие от данных по сyt b, различия между гаплотипами MC1R, в основном, представлены одномутационными переходами. Наиболее отдаленное положение продемонстрировала *D. szczerbaki* (из *Darevskia (saxicola)*). Ее гаплотип отделен от *D. alpina* и *D. c. caucasica* шестью заменами. Среди представителей комплекса *Darevskia (caucasica)* наиболее обособленное положение заняла *D. c. vedenica*. Этот подвид отстоит от группы гаплотипов дагестанской ящерицы на пять замен. Другие представители комплекса демонстрируют слабую дифференциацию между собой (2–3 замены) по MC1R. Обращает на себя внимание положение на сети гаплотипа южноосетинских *D. c. caucasica*: он обособлен от других *D. c. caucasica* и входит в одну гаплогруппу с *D. alpina*.

Анализ ASAP показал наличие четкого разрыва между значениями внутри- и межвидовой изменчивости по гену сyt b на уровне значений JC69-дистанций от 2 до 5%. На уровне 5% анализ ASAP выявил пять групп, соответствующих линиям *D. alpina*, югоосетинским *D. c. caucasica* (совместно с особью из Кассарского ущелья, Сев. Осетия), северокавказской *D. c. caucasica*, *D. c. vedenica* и *D. daghestanica*. Анализ ASAP, выполненный по маркеру MC1R, не выявил четкого «barcoding gap». На уровне JC69-дистанции 0.4% ASAP определил две группы: в первую попали *D. alpina*, *D. c. caucasica* и *D. daghestanica*, а во вторую — только *D. c. vedenica*. Полученные данные свидетельствуют в пользу видового статуса веденской ящерицы. Исследование выполнено в рамках госзадания ЗИН РАН № АААА-А19-119020590095-9.

устный доклад