МИНИСТЕРСТВО НАУКИ И ВЫСШЕГО ОБРАЗОВАНИЯ
РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ
ТОМСКИЙ ГОСУДАРСТВЕННЫЙ УНИВЕРСИТЕТ

**КОНЦЕПТУАЛЬНЫЕ
И ПРИКЛАДНЫЕ АСПЕКТЫ
НАУЧНЫХ ИССЛЕДОВАНИЙ
И ОБРАЗОВАНИЯ
В ОБЛАСТИ ЗООЛОГИИ БЕСПОЗВОНОЧНЫХ**

**Сборник статей
V Международной конференции**

*26–28 октября 2020 г.
г. Томск, Россия*

Томск
Издательство Томского государственного университета
2020

2. Potapov G.S., Kondakov A.V., Spitsyn V.M., Filippov B.Yu., Kolosova Yu.S., Zubrii N.A., Bolotov I.N. An integrative taxonomic approach confirms the valid status of *Bombus glacialis*, an endemic bumblebee species of the High Arctic // Polar Biology. 2018. Vol. 41, № 4. P. 629–642.

3. Coulson S.J., Convey P., Aakra K., Aarvik L., Ávila-Jiménez M.L., Babenko A., Biersma E., Boström S., Brittain J.E., Carlsson A., Christoffersen K.S., De Smet W.H., Ekrem T., Fjellberg A., Füreder L., Gustafsson D., Gwiazdowicz D.J., Hansen L.O., Hullé M., Kaczmarek L., Kolicka M., Kuklin V., Lakka H.K., Lebedeva N., Makarova O., Maraldo K., Melekhina E., Ødegaard F., Pilskog H.E., Simon J.C., Sohlenius B., Solhøy T., Søli G., Stur E., Tanasevitch A., Taskaeva A., Velle G., Zawierucha K., Zmudczyńska-Skarbek K. The terrestrial and freshwater invertebrate biodiversity of the archipelagoes of the Barents Sea; Svalbard, Franz Josef Land and Novaya Zemlya // Soil Biology and Biochemistry. 2014. Vol. 68. P. 440–470.

4. Berezin M.V. Geographical diversity, species correlation, population structure and cenotic interactions of Arctic bumble bees (Apidae, *Bombus*) // Biodiversity and ecological variation in invertebrates and microorganisms. 1995. Vol. 3. P. 205–215.

5. Potapov G.S., Kolosova Yu.S., Zubriy N.A., Filippov B.Yu., Vlasova A.A., Spitsyn V.M., Bolotov I.N., Kondakov A.V. New data on bumblebee fauna (Hymenoptera: Apidae, *Bombus* Latr.) of Vaygach Island and the Yugorsky Peninsula // Arctic Environmental Research. 2017. Vol. 17. No. 4. P. 346–354.

УДК 594.382.1

DOI: 10.17223/978-5-94621-931-0-2020-33

ГЕНЕТИЧЕСКИЙ ПОЛИМОРФИЗМ МОЛЛЮСКОВ *SUCCINEA PUTRIS* (GASTROPODA, PULMONATA)

Прохорова Е.Е., Усманова Р.Р.

*Российский государственный педагогический университет
им. А.И. Герцена, Санкт-Петербург, Россия
rregina.usmanova@gmail.com*

Аннотация. Проанализировано генотипическое разнообразие улиток *Succinea putris* L. (Linnaeus, 1758), собранных на северо-западе России и в Республике Беларусь. Гомология нуклеотидных последовательностей улиток из разных популяций на 100% составляла нуклеотидная последовательность ITS1-5.8S-ITS2 области рДНК. Генетическая изменчивость на основе митохондриальных маркеров была незначительной. Средние генетические дистанции между выборками составили 0,009 для локусов гена COI и 0,008 для локусов гена CytB. Было обнаружено десять гаплотипов митохондриального гена CytB и девять гаплотипов митохондриального гена COI. Возможно, обнаруженная в ходе исследования генетическая однородность улиток *S. putris* объясняет низкую изменчивость их паразитов, трематод из рода *Leucochloridium*.

Ключевые слова. *Succinea putris* L., генотипическое разнообразие, митохондриальные маркеры.

GENETIC POLYMORPHISM OF SNAILS *SUCCINEA PUTRIS* (GASTROPODA, PULMONATA)

Prokhorova E.E., Usmanova R.R.

Herzen State Pedagogical University, St. Petersburg, Russia
rregina.usmanova@gmail.com

Abstract. Genotypic diversity of snails *Succinea putris* L. (Linnaeus, 1758) collected in the north-west of Russia and in the Republic of Belarus was analysed. Homology between the nucleotide sequences of snails from different population made up 100% by the nucleotide sequence of ITS1-5.8S-ITS2 region of rDNA. Genetic variability based on mitochondrial markers was insignificant. Average genetic distances between samples made up 0,009 for COI gene loci and 0.008 for CytB gene loci. Was found ten haplotypes of the mitochondrial gene CytB and nine haplotypes of the mitochondrial gene COI. Perhaps the genetic homogeneity of snails *S. putris* found in the study explains a low variability of their parasites, trematodes from the genus *Leucochloridium*.

Keywords. *Succinea putris* L., genotypic diversity, mitochondrial markers.

Наземные легочные моллюски *Succinea putris* (янтарки) имеют трансконтинентальное распространение и широко известны как промежуточные хозяева трематод рода *Leucochloridium*. Определение *S. putris* и других представителей семейства Succineidae по морфологическим критериям затруднено в связи с высокой степенью внутривидового полиморфизма [1]. Для определения могут быть использованы молекулярно-генетические признаки.

Объектами исследования стали моллюски из семи географических точек: Ленинградская область, Кировская область, Московская область, Калининградская область России; Витебская и Гомельская область Белоруссии. В качестве маркеров использовали нуклеотидную последовательность рДНК (регион ITS1-5.8S-ITS2) и митохондриальные гены первой субъединицы цитохромоксидазы (COI) и цитохрома В (сyt B).

Выбор первого маркера связан с тем, что последовательность рибосомальной ДНК, а также визуализация вторичной структуры одного из ее участков (второго внутреннего транскрибируемого спейсера, ITS2) используются для выявления различий между популяциями одного вида, между разными видами [2]. Анализ моллюсков *S. putris* из разных популяций показал, что гомология между последовательностями составляет 100%. На основании полученных последовательностей были построены модели вторичных структур транскриптов ITS2. Различия в их

строении между *Succinea putris* и видом *S. striata* позволяют предположить, что данный участок генома может быть использован в целях видовой идентификации моллюсков рода *Succinea*.

Более «чувствительным» маркером, который используется для изучения видовой популяционной генетической структуры, является последовательность митохондриальной ДНК, этот маркер особенно информативен в отношении легочных моллюсков [3, 4].

Среди изученных 18 последовательностей фрагмента гена COI было выявлено 9 гаплотипов. Наиболее разнообразна по числу гаплотипов популяция моллюсков из Московской области, наиболее единообразны популяции из Калининградской и Витебской областей.

Полученные последовательности, а также последовательности гена COI моллюсков *S. putris* из Канады (77) и Франции (1) из базы данных GenBank были использованы для построения гаплосети. Анализ последней показал, что гаплотипы образуют две группы. Первая группа включает большинство канадских образцов, другая представлена, в основном, гаплотипами европейских янтарок. Генотипическое разнообразие моллюсков с Европейской части России и Белоруссии выше, чем моллюсков из Канады. Средняя генетическая дистанция между гаплотипами составила 0,009 [5]. Интересен факт группирования гаплотипа улитки из Ленинградской области с одним из канадских гаплотипов. Это может свидетельствовать о случайном переносе моллюсков с одного континента на другой [6–8].

Для построения гаплосети по фрагменту гена *cytB*, использовали полученные в ходе исследования последовательности (19), а также последовательность моллюска из Франции из базы данных GenBank. На гаплосети наблюдалось сходнее с COI распределение гаплотипов по географическим точкам. Средняя генетическая дистанция между гаплотипами составила 0,008. Гаплотип улитки из Франции в случае как с *cytB*, так и с COI на гаплосетях расположен обособленно. Авторы, опубликовавшие данную последовательность, не приводят данные о морфологии моллюска, что вызывает сомнения в корректности видовой идентификации.

Генетическое разнообразие *S. putris* из мест сбора относительно невысоко. Для сравнения: средняя генетическая дистанция между популяциями улиток вида *Succinea caduca* по гену COI составляет 0,028 [9]. Возможно, именно невысокая степень полиморфизма моллюсков *Succinea putris* обусловила и генетическую однородность разных видов трематод рода *Leucochloridium* [10], что способствовало успешной адаптации и эволюции паразита.

Работа выполнена при поддержке гранта РФФИ 19-04-00384.

Литература

1. Branson B.A. The Recent Gastropoda of Oklahoma, V. Terrestrial Species, Valloniidae, Achatinidae and Succineidae // Proceedings of the Oklahoma Academy of Science. Oklahoma: The University of Oklahoma, 1962. Vol. 43. P. 77.
2. Coleman A.W., Mai J.C. Ribosomal DNA ITS-1 and ITS-2 sequence comparisons as a tool for predicting genetic relatedness // Journal of Molecular Evolution. 1997. Vol. 45. P. 168–177.
3. Thomaz D., Guiller A., Clarke B. Extreme divergence of mitochondrial DNA within species of pulmonate land snails // Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences. 1996. Vol. 263. P. 363–368.
4. Pinceel J., Jordaens K., Bäckeljau T. Extreme mtDNA divergences in a terrestrial slug (Gastropoda, Pulmonata, Arionidae): accelerated evolution, allopatric divergence and secondary contact // Journal of Molecular Evolution. 2005. Vol. 18, is. 5. P. 1264–1280.
5. Prokhorova E.E., Usmanova R.R., Ataev G.L. An analysis of morphological and molecular genetic characters for species identification of amber snails *Succinea putris* (Succineidae) // Invertebrate Zoology. 2020. Vol. 17, is. 1. P. 1–17.
- Анистратенко В.В. Моллюски группы *Hydrobia* sensu lato Черного и Азовского морей // Бюллетень московского общества испытателей природы. 1991. Т. 96, № 6. С. 73–81.
6. Сон М.О. Моллюски-вселенцы в пресных и солоноватых водах Северного Причерноморья: монография. Одесса: Друк, 2007. 132 с.
7. Haase M., Naser M.D., Wilke T. *Ecrobia grimmeri* in brackish Lake Sawa, Iraq: indirect evidence for long-distance dispersal of hydrobiid gastropods (Caenogastropoda: Rissooidea) by birds // Journal of Molluscan Studies. 2010. Vol. 76. P. 101–105.
8. Holland B.S., Cowie R.H. A geographic mosaic of passive dispersal: population structure in the endemic Hawaiian amber snail *Succinea caduca* (Mighels, 1845) // Molecular Ecology. 2007. Vol. 16, is. 12. P. 2422–2435.
9. Жукова А.А., Прохорова Е.Е., Цымбаленко Н.В., Токмакова А.С., Атаев Г.Л. Генотипирование трематод рода *Leucochloridium*, обитающих на территории Ленинградской области // Паразитология. 2012. Т. 46, № 5. С. 414–419.

УДК 595.798

DOI: 10.17223/978-5-94621-931-0-2020-34

ФОРМИРОВАНИЕ ЛОКАЛЬНЫХ ПОСЕЛЕНИЙ САМКАМИ-ОСНОВАТЕЛЬНИЦАМИ ОС-ПОЛИСТОВ РАЗНЫХ МОРФОТИПОВ

Русина Л.Ю.¹, Косякова А.Ю.²

¹Московский зоопарк, Москва, Россия

lirusina@yandex.ru

²Национальный парк «Мещера», Гусь-Хрустальный, Россия

Ainsel@list.ru

Аннотация. В 2003–2013 и 2019 гг. проведен анализ связи фенотипической изменчивости и поведения самок-основательниц 4 видов ос *Polistes* Палеарктики