

АНАЛИЗ ГЕНЕТИЧЕСКОЙ СТРУКТУРЫ ПОПУЛЯЦИЙ ЧУЖЕРОДНЫХ ВИДОВ НАЗЕМНЫХ МОЛЛЮСКОВ НА ТЕРРИТОРИИ Г. БЕЛГОРОДА

В.А. Адамова, Э.А. Снегин, А.С. Бархатов

*Белгородский государственный национальный исследовательский университет,
г. Белгород, Россия,*

e-mail: vla3140@yandex.ru, snegin@bsu.edu.ru, barkhatov@bsu.edu.ru

За последние годы участились случаи заноса чужеродных видов наземных моллюсков на территории юга Среднерусской возвышенности [1]. На данный момент довольно многочисленные колонии этих животных обнаружены в пределах урбанизированных биотопов, находящихся вблизи от транспортных потоков. К инвазивным видам относятся *Xeropicta derbentina* (Krynicky, 1836) *Helicella candicans* (L. Pfeiffer, 1841), *Chondrula major* (Krynicky, 1833), *Stenomphalia ravergensis* (Férussac, 1835), *Brephulopsis cylindrica* (Menke, 1828) [2]. В г. Белгороде и его окрестностях наиболее часто встречаются кавказский моллюск *S. ravergensis* и эндемик Крыма *B. cylindrica*. На данный момент кавказская улитка присутствует в различных районах города и прослеживается тенденция замещения ею аборигенного вида *Bradybaena (Fruticicola) fruticum* [3]. Также недавно колония *S. ravergensis* была обнаружена в окрестностях трассы Старый Оскол – Чернянка – Новый Оскол, в пределах частной застройки г. Новый Оскол. Последняя находка вызывает наибольшие опасения в связи с близким расположением указанного участка к природным биотопам и ООПТ, в частности к заповедному участку «Стенки Изгорья». Популяция другого адвентивного вида, *B. cylindrica*, на сегодняшний день известна только в пределах г. Белгорода в окрестностях мелового карьера, по ходу движения промышленного транспорта. Высокая плотность популяции (среднее значение - 229 особей/м²) позволяет предположить дальнейшее расселение крымского моллюска на данной территории.

Для оценки жизнеспособности и инвазионного потенциала указанных видов нами была изучена генетическая структура их популяций с помощью аллозимных маркеров. С этой целью на территории г. Белгорода были осуществлены выборки из относительно изолированных пунктов. Всего было исследовано семь групп *S. ravergensis* (по 25 половозрелых особей) и две группы *B. cylindrica* (по 20 особей). Для сопоставления нами были использованы выборки из естественных ареалов. Для *S. ravergensis* было отобрано 68 особей из окрестностей пос. Норатус (Армения), а для *B. cylindrica* изучено по 20 особей из пяти популяций Крыма. Электрофорез изоферментов проводили в 10% полиакриламидном геле [4]. Для анализа генетической структуры использовались аллозимные маркеры, известные для данных видов [5-7]. Обработка данных проводилась с использованием программы GenALEx 6.501 [8] и SPADE [9].

Согласно полученным данным, уровень генетической изменчивости в колониях кавказской улитки находится на довольно высоком уровне. В двух адвентивных группах также, как и в популяции из естественного ареала, все используемые локусы были полиморфными (P=100%). В большинстве адвентивных групп уровень фактической и ожидаемой гетерозиготности оказался сопоставимым с таковым в аборигенной популяции ($H_o=0,302\pm0,035$ и $H_e=0,328\pm0,035$), при этом значение коэффициента инбридинга оказалось не высоким ($F=0,052\pm0,039$). В колониях *B. cylindrica* также выявлен высокий аллельный полиморфизм, однако часть локусов в большинстве популяций оказались мономорфны (*SOD2*, *SOD4* и *MDH1*). При этом белгородские и крымские популяции были сходны по большинству показателей генетического разнообразия.

Результат анализа молекулярной дисперсии (AMOVA) для белгородских колоний *S. ravergensis* показывают преобладание внутривидовой дисперсии над межвидовой, при этом индекс подразделенности $F_{st}=0,117$, что говорит о слабой генетической дифференциации изучаемых колоний [10]. Кроме того, у данного вида не было выявлено значимой корреляции между матрицей попарных значений уровня потока генов и матрицей географических дистанций. Значение коэффициента Мантеля (0,375; $p=0,084$) свидетельствует об отсутствии связи между пространственной и генетической структурой белгородской адвентивной популяции кавказской улитки. Предположительно, пространственная структура белгородской популяции *S. ravergensis* соответствует островной модели [11]. При этом, генетическая вариабельность на индивидуальном уровне имеет наибольший показатель ($F_{it}=0,216$). Аналогичные результаты были получены для колоний *B. cylindrica*, где $F_{it}=0,401$.

Анализ мультилокусных генотипов проводили с помощью двух непараметрических методов: метод Chao1-bc (bias-corrected form for the Chao1) [12] и метод «складного ножа» первого порядка (1st order jackknife) [13]. В популяциях *B. cylindrica* у исследуемых 140 особей было выявлено 95 мультилокусных комбинаций. Наибольшее и наименьшее генетическое разнообразие мультилокусных комбинаций, как реальное, так и потенциальное, отмечено у различных крымских популяций, тогда как белгородские популяции по данным параметрам заняли промежуточное значение и оказались сопоставимы с таковыми для инвазивных популяций *B. cylindrica* из северного Причерноморья [7]. Анализ колоний *S. ravergensis* выявил довольно большое количество мультилокусных генотипов в четырех адвентивных группах, где значения N_{MLG} составили от 20 до 23, что, однако, не превысило потенциальное генетическое разнообразие аборигенной популяции из Армении ($N_{MLG}=34$). В двух других адвентивных колониях генетическое разнообразие находилось на довольно низком уровне вследствие преобладания мономорфных локусов ($N_{MLG}=5$; $N_{MLG}=10$). Тем не менее, уровень потенциального генетического разнообразия ожидаемого при увеличении выборки до бесконечности (N_{max}) в некоторых адвентивных группах кавказской улитки доходил до $113,2 \pm 62,6$ комбинаций, что вдвое больше чем у аборигенной популяции из Армении ($N_{max}=57,4 \pm 14,1$).

Расчет эффективной численности исследуемых колоний по формуле, учитывающей уровень инбридинга в популяции [14], и отношение эффективного размера выборки к ее общему объему показали, что полученные значения входят в диапазон доли N_e , предложенный Кроу, Мортон и Кимурой [15]. Для адвентивных колоний *S. ravergensis* среднее значение N_e/N составляет $0,917 \pm 0,029$, а для *B. cylindrica* $0,745 \pm 0,101$. Стоит отметить, что у фоновых аборигенных видов наземных моллюсков на исследуемой территории данный показатель имеет значения $0,800 \pm 0,021$ для *B. fruticum* и $0,772 \pm 0,030$ для *Chondrula tridens* [16, 17].

Полученные результаты указывают на высокий уровень жизнеспособности колоний чужеродных видов наземных моллюсков, населяющих урбанизированные ландшафты. Высокий уровень индивидуальной изменчивости, большие значения эффективной численности способствуют формированию адаптаций на новой территории. Внешние факторы, прежде всего антропогенной природы, создают предпосылки для дальнейшего расселения моллюсков. Таким образом, можно предполагать успешную инвазию изучаемых видов на территорию юга Среднерусской возвышенности.

СПИСОК ИСПОЛЬЗОВАННОЙ ЛИТЕРАТУРЫ

1. Снегин Э.А., Присный А.В. Новые сведения о наземных моллюсках Среднерусской возвышенности // Научные ведомости БелГУ. Сер. Естественные науки. – 2008. – Т. 6. – № 3(43). – С. 101–105.
2. Снегин Э. А., Артемчук О. Ю., Сычев А. А., Адамова В. В. Адвентивные виды наземных моллюсков на юге Среднерусской возвышенности // Биоразнообразие и устойчивость живых систем

/ Материалы XIII Международной экологической конференции (Белгород, 6-11 октября 2014 г.). – Белгород: ИД «Белгород» НИУ БелГУ. – С.156-157.

3. Снегин Э. А. Временная динамика генетической структуры и эффективная численность популяций *Bradybaena fruticum* Müll. (Mollusca, Gastropoda, Pullmonata) в условиях юга Среднерусской возвышенности // Экология. – 2015. – № 3. – С. 198–205. DOI: 10.7868/S0367059715020110

4. Гааль Э., Медьеша Г., Верецкеи Л. Электрофорез в разделении биол. макромолекул. – М.: Мир. – 1982. – 448 с.

5. Снегин Э. А., Адамова В.В. Анализ генетической структуры популяции чужеродного моллюска *Stenomphalia ravergiensis* (Mollusca, Gastropoda, Pulmonata) на территории города Белгород // Российский Журнал Биологических Инвазий. – 2017. – № 3. – С. 80-91.

6. Снегин Э.А., Адамова В.В., Сычев А. А. Морфо-генетическая изменчивость нативных и адвентивных популяций моллюска *Brephulopsis cylindrica* (Gastropoda, Pulmonata, Enidae) // Ruthenica. – 2017. – Vol. 27. – №.3. – P. 119-132.

7. Крамаренко С.С., Снегин Э.А. Генетическая структура континуальных и эфемерных популяций наземного моллюска *Brephulopsis cylindrica* (Gastropoda; Pulmonata; Enidae) // Экологическая генетика. – 2014. – XII(2). – P. 23-34.

8. Peakall R., Smouse P.E. GenAlEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research-an update. Bioinformatics. – 2012. – № 28. – 2537-2539.

9. Chao A., Shen T-J. SPADE Anne Chao's Website. Available online at <http://chao.stat.nthu.edu.tw>. – 2009. [Accessed on 16November 2015].

10. Wright S. Isolation by distance // Genetics. – 1943. – Vol. 28. – P. 114-138.

11. Wright S. Breeding structure of populations in relation to speciation //The American Naturalist. – 1940. – Vol. 74. – Iss. 752. – P. 232-248.

12. Chao A. Species richness estimation. In: Balakrishnan N., Read C. B., Vidakovic B. (Eds). Encyclopedia of Statistical Science. – 2005. NY, Wiley. – P. 7907-7916.

13. Burnham K.P., Overton W.S. Estimation of the size of a closed population when capture probabilities vary among animals. Biometrika, 1978. 65(3): 625-633.

14. Ли Ч. Введение в популяционную генетику. – Москва, Мир, 1978. – 560 с.

15. Crow J.F., Morton N.E. Measurement of gene frequency drift in small population. Evolution. – 1955. – № 9. – P. 202-214.

16. Crow J. F., Kimura M. An introduction to population genetics theory. – New York: Harpers and Row, 1970. – 591 p.

17. Снегин Э. А. Генетическая структура популяций модельных видов наземных моллюсков в условиях урбанизированного ландшафта на примере *Chondrula tridens* Müll. (Gastropoda, Pulmonata) // Экологическая генетика. – 2011. – Т. IX, № 2. – С. 54-64.

18. Снегин Э.А. Пространственные и временные аспекты эколого-генетической структуры популяций беспозвоночных животных (на примере наземных моллюсков и насекомых юга Среднерусской возвышенности): Автореф. дис. ... докт. биол. наук. – Белгород, 2012. – 42 с.

УДК 575.22.;502.4

ВЛИЯНИЕ ВЫСОТЫ ОБИТАНИЯ НА МОРФОЛОГИЧЕСКУЮ ИЗМЕНЧИВОСТЬ НАЗЕМНОГО МОЛЛЮСКА *HELIX LUCORUM TAURICA*

Н.А. Вердян¹, М.В. Арзуманян¹, Э.А. Снегин², М.С. Аракелян¹

¹Ереванский Государственный университет, г. Ереван, Армения,
e-mail: narine.verdyan@ysumail.am

²Белгородский Государственный национальный исследовательский университет,
г. Белгород, Россия,
e-mail: snegin@bsu.edu.ru

Наземные брюхоногие моллюски играют важнейшую роль в трофических цепях. Вид *Helix lucorum* Linnaeus, который специалисты относят к малоизученным видам,