

**Анализ внутривидового полиморфизма моллюсков *Succinea putris*
(Gastropoda: Pulmonata) по морфологическим и генетическим признакам**

Научный руководитель – Атаев Геннадий Леонидович

Усманова Регина Рустамовна

Аспирант

Российский государственный педагогический университет им. А.И. Герцена, Факультет биологии, Санкт-Петербург, Россия
E-mail: rregina.usmanova@gmail.com

Моллюски *Succinea putris* (сем. Succineidae) распространены на территории Евразии и Северной Америки. Среди биологов они широко известны как промежуточные хозяева трематод рода *Leucochloridium*. Уникальной особенностью спороцист этих паразитов является формирование окрашенных отростков. Последние проникают в щупальца моллюска, где пульсируют, имитируя личинок насекомых, и таким образом привлекают окончательных хозяев - птиц.

Одним из наиболее распространенных видов рода *Leucochloridium* на территории Европейской части России является *L. paradoxum*, отростки спороцист которого окрашены в зеленый цвет. Молекулярно-биологический анализ кластера рибосомных генов (включая внутренние транскрибируемые спейсеры, ITS) трематод этого вида выявил 100% гомологию по данным маркерам [1]. Было решено изучить вопрос о внутривидовом полиморфизме промежуточных хозяев.

Для выявления морфологического и генетического разнообразия были собраны улитки *Succinea putris* в Калининградской, Ленинградской, Кировской, Ярославской областях России, а также Витебской и Гомельской областях Белоруссии.

Анализ морфологических признаков показал, что моллюски из Гомельской, Кировской и Московской популяции отличаются только по индексу раковины. В то же время между особями не было выявлено достоверных отличий по строению половой системы, детали которой являются важнейшими признаками видовой диагностики этих моллюсков.

Молекулярно-генетический анализ с применением участка ITS1-5.8S-ITS2 рДНК в качестве маркера не выявил внутривидовых полиморфизмов. Незначительная степень генетической изменчивости была показана с использованием в качестве маркеров участков митохондриальных генов COI и CytB. Генетические расстояния между образцами составляли 0,002-0,021 для локусов гена COI и 0,003-0,01 для локусов гена CytB. Было выявлено 10 гаплотипов гена CytB и 9 гаплотипов гена COI, на их основании построены гапlose-ти. Наиболее вариабельной по количеству гаплотипов оказалась Московская популяция. Большой однородностью в этом отношении отличаются Витебская и Калининградская области. Показатели внутривидовой вариабельности сопоставимы с таковыми для другого изученного в этом отношении вида *S. caduca* [2].

Вероятно, низкий уровень фенотипической и генотипической изменчивости *Succinea putris* во многом обуславливает морфологическую и генетическую однородность их паразитов - спороцист трематод *Leucochloridium paradoxum*.

Источники и литература

- 1) Атаев Г.Л., Жукова А.А., Прохорова Е.Е., Цымбаленко Н.В., Токмакова А.С. Генотипирование трематод рода *Leucochloridium*, обитающих на территории Ленинградской области // Паразитология. 2012. Т. 46. No. 5. С. 414-419.

- 2) 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. No. 12. P. 2422-2435.