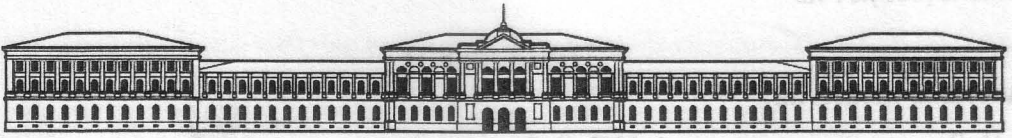


ВОДНЫЕ ЭКОСИСТЕМЫ СИБИРИ И ПЕРСПЕКТИВЫ ИХ ИСПОЛЬЗОВАНИЯ

Материалы Всероссийской конференции,
посвященной 100-летию со дня рождения
Б.Г. Иоганзена и 80-летию открытия в ТГУ
кафедры ихтиологии и гидробиологии

Томск
2011



ОГУ «Облкомприрода» Томской области
Национальный исследовательский
Томский государственный университет
НИИ ББ Томского госуниверситета
Западно-Сибирское отделение
Межведомственной ихтиологической комиссии
Томское отделение ВГБО РАН
Кафедра ихтиологии и гидробиологии
Томского госуниверситета

Водные экосистемы Сибири и перспективы их использования

Материалы Всероссийской конференции
с международным участием, посвященной 100-летию
со дня рождения профессора, заслуженного деятеля
науки РФ Б.Г. Иоганзена и 80-летию со дня основания
кафедры ихтиологии и гидробиологии ТГУ

Томск, 19–21 апреля 2011 г.

МОЛЕКУЛЯРНО-ТАКСОНОМИЧЕСКОЕ ИССЛЕДОВАНИЕ СИБИРСКИХ ПРЕДСТАВИТЕЛЕЙ СЕМЕЙСТВА LYMNAEIDAE (MOLLUSCA: GASTROPODA: PULMONATA)

М.В. Винарский¹, К. Шнибс², А. Хундсдёрфер²¹ Омский государственный педагогический университет;

Омск, Россия; radix.vinarski@gmail.com

² Senckenberg Natural History Collections Dresden, Museum of Zoology; Germany; katrin.schniebs@senckenberg.de; anna.hundsdoerfer@senckenberg.de

В современной зоологической систематике большую популярность приобрели методы молекулярной таксономии, в частности ДНК-секвенирование. В последнее время этот метод стал практически стандартным для исследований в области систематики и филогенетики [1]. Количество видов животных, исследованных с помощью секвенирования ДНК, стремительно нарастает, однако, видовое разнообразие биоты чрезвычайно велико и до сих пор значительное число видов не изучено в этом отношении.

Представители семейства Lymnaeidae (прудовиковые) – одного из наиболее разнообразных семейств пресноводных брюхоногих моллюсков – изучаются молекулярными систематиками с конца XX века [2, 3], однако, до сих пор наибольшее внимание уделялось видам прудовиков из Европы [4, 5], Северной и Южной Америки [3, 6], а также Австралии и Юго-Восточной Азии [7]. Виды прудовиков Сибири ранее не использовались в подобных исследованиях и только в 2010 г. появились (в тезисной форме) первые публикации, при подготовке которых привлечены материалы по лимнеидам Сибирского региона [8, 9].

Данное сообщение носит предварительный характер и посвящено изучению нескольких видов Lymnaeidae из водоемов Сибири с помощью методов молекулярной систематики.

Материал и методы. Использованы материалы по семи видам Lymnaeidae, собранным в водоемах Урала и Западной Сибири в 2007 – 2010 гг.: *Lymnaea (Corvusiana) kazakensis* Mozley, 1934, *L. (Lymnaea) fragilis* (L., 1758), *L. (Stagnicola) saridalensis* Mozley, 1934, *L. (S.) iliensis* Lazaljeva, 1967, *L. (S.) zebrella* (B. Dybowski, 1913), *L. (S.) archangelica* Kruglov et Starobogatov, 1986 и *L. (S.) terebra* (Westerlund, 1885). В сравнительном анализе были использованы также последовательности ДНК, полученные от прудовиков, обитающих в водоемах Центральной и Восточной Европы (Болгария, Германия, европейская часть России). В качестве внешних групп использованы представители других семейств пресноводных легочных моллюсков: *Aplexa hypnorum* (L., 1758) и *Planorbarius corneus* (L., 1758).

Для построения филогенетических деревьев и расчета генетических дистанций между видами были использованы последовательности двух стандартных генетических маркеров – ITS-2 и Cytb (участок длиной около 370 нуклеотидных пар). Эти маркеры широко используются в молекулярно-таксономических исследованиях различных групп организмов. При построении филогенетических деревьев использовали методы ближайшего соседа (Neighbour Joining) и максимальной парсимонии (Maximum Parsimony, MP) с помощью программы PAUP (version 4.0b10; [10]). Для демонстрации результатов MP выбрано одно из наилучших деревьев (с такой же топологией как в консенсусном дереве, полученном методом majority rule).

Детальное описание процедур, связанных с выделением ДНК, проведением ПЦР и выравниванием последовательностей дано нами в другой публикации [11].

Результаты. Полученные филогенетические деревья по двум генам (рисунок) в целом хорошо согласуются меж собой и дают возможность сделать некоторые выводы о видовой самостоятельности и таксономическом положении исследуемых моллюсков.

1. В соответствии с морфологическими данными, вид *L. kazakensis* близок к европейскому виду *L. corvus* (Gmelin, 1791) и относится российскими малакологами к подроду *Corvusiana* Servain, 1881 [12, 13]. Наши данные показывают, что этот вид (эндемик России и Казахстана) находится в более близком родстве с моллюсками подрода *Lymnaea* s.str. (*L. fragilis*, *L. stagnalis*), хотя по строению раковины близок группе *Corvusiana*. Вероятно, здесь мы имеем дело со случаем конвергентного сходства по строению раковины у не близкородственных видов лимнеид. Случаи такого рода довольно часто отмечаются в семействе Lymnaeidae [13]. Отметим, что В.А. Васильеву с соавторами [8] не удалось показать видовую самостоятельность *L. kazakensis*, используя ITS-2 в качестве маркера, поэтому указанные авторы предположили его синонимичность с *L.*

(*S.*) *palustris* (O.F. Müller, 1774). Наш результат однозначно подтверждает таксономическую самостоятельность этого вида и невозможность его включения в группу *Stagnicola*.

2. Полученные данные указывают на определенную степень молекулярной дивергенции между видами *L. fragilis* и *L. stagnalis* (L., 1758). Несмотря на установленную экспериментальным путем репродуктивную изолированность этих видов [13], видовая самостоятельность *L. fragilis* не признается малакологами из стран Западной Европы. На полученных нами деревьях сибирские особи *L. fragilis* образуют особый кластер, сестринский по отношению к европейским *L. stagnalis*. Это может послужить дополнительным свидетельством в пользу видовой самостоятельности *L. fragilis*, однако для окончательного решения вопроса с помощью метода ДНК-секвенирования необходимо увеличить объем выборки и исследовать последовательности ДНК *L. stagnalis* из Сибири, чтобы полностью исключить возможное влияние внутривидовой географической дивергенции на топологию деревьев.

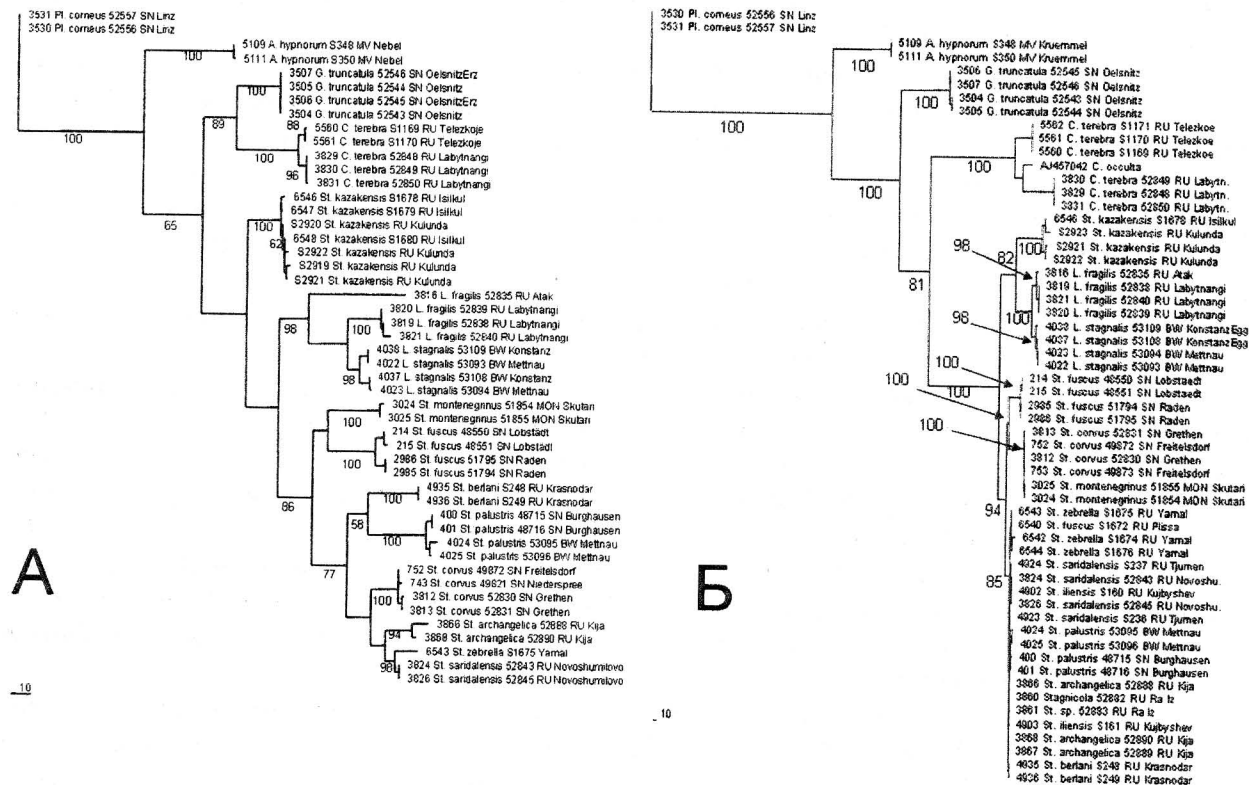


Рисунок. Филогенетические деревья, полученные на основе последовательностей Сytb (А) и последовательностей ITS-2 (Б) методом МР

Примечание. Цифры у основания кластеров соответствуют бутстреп-значениям (в %). Экземпляры из водоемов России обозначены акронимом RU.

3. Изучение последовательностей ядерного гена ITS-2 сибирского вида *L. terebra* показало его высокое генетическое сходство с европейским видом *L. (Catacopia) occulta* (Jackiewicz, 1959), который ранее был сведен в младшие синонимы *L. terebra* на основе морфологических данных [14]. Молекулярная систематика подтверждает также вывод о том, что *L. terebra* не следует относить к подроду *Stagnicola*, несмотря на сходство по признакам раковины и половой системы. В настоящее время его предложено выделять в особую группу (? подрод) *Ladislavella* V. Dybowski, 1913 (= *Catacopia* Meier-Brook et Bargues, 2002) [15].

4. Сибирские виды подрода *Stagnicola* (*L. archangelica*, *L. iliensis*, *L. saridalensis*, *L. zebrella*), а также вид *L. (S.) berlani* (Bourguignat, 1870) из водоемов юга Европейской России по ITS-2 довольно близки меж собой и не вполне идентичны виду *L. palustris* (типовой вид подрода *Stagnicola*) из Европы. Наибольшую степень различий демонстрирует пара видов *L. palustris* – *L. saridalensis*, что хорошо согласуется с серьезными различиями в строении их копулятивных органов [13]. По Сytb получается другая картина: виды *L. saridalensis*, *L. archangelica*, *L. berlani*, *L. zebrella* и *L. palustris* явно различаются. К сожалению, нам не удалось выделить по-

следовательностей Cytb для вида *L. iliensis*. Наши результаты противоречат выводам В.А. Васильева с соавторами [8], которые предположили идентичность *L. palustris* и *L. saridalensis*.

Полученные в ходе работы выводы носят предварительный характер. Интерпретация деревьев и использование филогенетической информации для целей таксономии должны проводиться с учетом всей доступной информации о видах, в том числе морфологической, зоогеографической и экологической.

ЛИТЕРАТУРА

1. Абрамсон Н.А. 2009. Молекулярные маркеры, филогеография и поиск критерия разграничения видов // Труды Зоологического института РАН. Приложение 1. С. 185–198.
2. Bargues M.D., Mas-Coma S. 1997. Phylogenetic analysis of lymnaeid snails based on 18S rDNA sequences // Molecular Biology & Evolution. V. 14. № 5. P. 569–577.
3. Remigio E.A., Blair D. 1997. Relationships among problematic North American stagnicoline snails (Pulmonata: Lymnaeidae) reinvestigated using nuclear ribosomal DNA internal transcribed spacer sequences // Canadian Journal of Zoology. V. 75. P. 1540–1545.
4. Bargues M.D., Vigo M., Horák P. et al. 2001. European Lymnaeidae (Mollusca: Gastropoda), intermediate hosts of trematodiasis, based on nuclear ribosomal DNA ITS-2 sequences // Infection, Genetics and Evolution. V. 1. P. 87–107.
5. Bargues M.D., Artigas P., Jackiewicz M. et al. 2006. Ribosomal DNA ITS-1 sequence analysis of European stagnicoline Lymnaeidae (Gastropoda) // Heldia. B. 6. № 1–2. P. 57–68.
6. Durand P., Pointier J.P., Escoubeyrou K. et al. 2002. Occurrence of a sibling species complex within neotropical lymnaeids, snail intermediate hosts of fascioliasis // Acta Tropica. V. 83. P. 233–240.
7. Puslednik L., Ponder W.F., Downton M., Davis A.R. 2009. Examining the phylogeny of the Australasian Lymnaeidae (Heterobranchia: Pulmonata: Gastropoda) using mitochondrial, nuclear and morphological markers // Molecular Phylogenetics and Evolution. P. 643–659.
8. Васильев В.А., Малинкина Т.Ю., Суходольская Е.М. и др. 2010. Молекулярная систематика пресноводных моллюсков семейства Lymnaeidae на основании полиморфизма второго внутреннего транскрибируемого спейсера (ITS2) рДНК // Теоретические и практические проблемы паразитологии: Материалы международной конференции. М. С. 81–83.
9. Vinarski M., Schniebs K., Hundsdoerfer A. 2010. Taxonomic position and phylogenetic relationships of the lymnaeid genus *Aenigmomphiscola* Kruglov et Starobogatov, 1981 (Gastropoda: Pulmonata: Lymnaeidae) // 17th International Congress of UNITAS MALACOLOGICA. World Congress of Malacology. Abstracts. P. 204.
10. Vinarski M.V., Schniebs K., Glöer P., Hundsdoerfer A. (in press). The taxonomic status and phylogenetic relationships of the genus *Aenigmomphiscola* Kruglov et Starobogatov, 1981 (Gastropoda: Pulmonata: Lymnaeidae) // Journal of Natural History.
11. Swofford, D.L. 2002. PAUP* - Phylogenetic analysis using parsimony (*and other methods). Ver. 4. Sinauer Associates Inc. Publishers, Sunderland.
12. Лазарева А.И. 1967. О систематике прудовиков Казахстана из группы *Lymnaea palustris* Müller (Gastropoda, Pulmonata) // Зоологический журнал. Т. 46. № 9. С. 1340–1349.
13. Круглов Н.Д. 2005. Моллюски семейства Прудовиков (Lymnaeidae Gastropoda Pulmonata) Европы и Северной Азии. Смоленск: Изд-во СГПУ. 508 с.
14. Vinarski M.V., Glöer P. 2008. Taxonomical notes on Euro-Siberian freshwater molluscs. 3. *Galba oculata* Jackiewicz, 1959 is a junior synonym of *Limnaea palustris* var. *terebra* Westerlund, 1885 // Mollusca (Dresden). V. 26. № 2. P. 175–185.
15. Андреева С.И., Андреев Н.И., Винарский М.В. 2010. Определитель пресноводных брюхоногих моллюсков (Mollusca: Gastropoda) Западной Сибири. Ч. 1. Gastropoda: Pulmonata. Вып. 1. Семейства Acroloxidae и Lymnaeidae. Омск. 200 с.

РЕЗУЛЬТАТЫ АККЛИМАТИЗАЦИИ РЫБ В КРАСНОЯРСКОМ ВОДОХРАНИЛИЩЕ

А.А. Вышегородцев

Сибирский федеральный университет; Красноярск, Россия; pescador2005@rambler.ru

Вопрос о видовом составе ихтиофауны и ее динамике на протяжении существования Красноярского водохранилища остается недостаточно освещенным, хотя водоем эксплуатируется уже 40 лет.

К моменту образования Красноярского водохранилища на участке затопления было отмечено 29 видов рыб и один вид многовых [1]: сибирская минога (*Lethenteron kessleri*) (Anikin,