

ГЕНЕТИЧНА СТРУКТУРА РОДУ *MICROCOLPIA* (*MOLLUSCA: GASTROPODA: MELANOPSIDAE*)

Першко І. О.

Україна, м. Житомир,
Житомирський державний університет імені Івана Франка

Realized biochemical gene marking of the genus Microcolpia revealed that there are no fixed genetic differences, as well as significant differences in frequencies between the studied samples. Compliance with the expected and actual distribution of genotypes polymorphic locus in compatible sample of three species collected from the same biotype allows to assert that three predictable species genus of Microcolpia – M. canaliculata, M. ucrainica, M. potamoctebia are morphological forms of the same species.

У наш час важливого значення набувають генетичні методи систематичного аналізу. Це пов'язано з об'єктивністю результатів генетичних досліджень, які дозволяють, спираючись на фіксації альтернативних алельних станів, робити однозначні висновки про еволюційно-генетичну дискретність групи особин.

Саме тому все більшого значення в практиці систематичних досліджень набуває біологічна концепція виду, що трактує вид як генетичну перервність, яка виникає тільки у процесі історичного розвитку і протягом історично значущого періоду часу.

Застосування генетичних методів є особливо актуальним у групах із традиційно суперечливою систематикою, коли дослідники схильні по-різному трактувати статус одних і тих же форм (Гарбар, 2011). У таких випадках фіксація альтернативних алелей у різних груп особин дає однозначно позитивну відповідь на наявність репродуктивної ізоляції. Остання виглядає особливо переконливо у випадку симпатричного (симбіотопічного) існування видів (Межжерин, 2011).

Одначе, на практиці значимість морфологічних ознак як критеріїв виділення виду в еволюційній концепції не втратила свого значення, а доповнилась аналізом ознак на молекулярно-генетичному рівні організації, прояви яких не залежать від середовища існування та онтогенетичної стадії, а індивідуальна мінливість на цьому рівні строго регламентується законами спадковості. Слід наголосити на тому, що на практиці систематика більшості груп тварин була, є і буде типологічною, оскільки впровадження генетичних методів, з огляду на їх трудомісткість, доцільно здійснювати тільки в дослідженнях модельних груп, систематика яких викликає особливий інтерес. В останньому випадку саме результати генетичного аналізу виступають критерієм істини.

В останнє десятиліття особливо активно обговорюється систематична структура низки груп молюсків фауни України. Однак результати комплексних аналізів морфологічних ознак цих тварин не дають чіткої відповіді щодо валідності того чи іншого виду (Першко, 2011).

Так, згідно традиційних підходів до систематики рід *Microcolpia* (*Pectinibranchia, Melanopsidae*) у фауні України представлена трьома видами – *M. (Potamoctebiana) canaliculata*, *M. (P.) ucrainica*, *M. (P.) potamoctebia*. Така систематична структура групи опрацьована була на підставі компараторного методу визначення молюсків з урахуванням конхіолдолого-морфологічних особливостей молюсків. З метою встановлення валідності

визначення представників роду *Microcolpia* нами було здійснено біохімічне генне маркування цієї модельної групи

Всі локуси, за винятком *sMdh*, виявилися інваріантними. В тому числі надзвичайно мінливими і, як правило, такими, що мають високу видоспецифічність, були локуси, що кодуєть неспецифічні естерази. Поліморфним виявився тільки той локус (*sMdh*), який кодує розчинну форму малатдегідрогенази. Він представлений у виборці двома алелями, частота яких не відрізнялась у досліджуваних видів.

Проведений тест на відповідність розподілу генотипів локусу *sMdh* моделі панміксної популяції показує, що розподіл генотипів у змішаній виборці відповідає очікуваному розподілу ($sMdh^{S/S} - 58$ (57); $sMdh^{S/F} - 19$ (21); $sMdh^{F/F} - 3$ (1,95)). Про це свідчить дуже низьке значення критерію χ^2 (близько 0,79). Такий результат можна отримати у двох випадках: у ситуації вільних схрещувань між трьома передбачуваними видами, що в практиці популяційно-генетичних досліджень дотепер не було відомо, або у випадку єдиної панміксної популяції, особини якої схрещуються один із одним без обмежень.

Дослідження генетичної структури сумісно проживаючих популяцій видів роду *Microcolpia* показало:

- 1) відсутність фіксованих генних відмінностей, а також достовірних відмінностей у частотах між цими вибірками;
- 2) повну відповідність очікуваного та наявного розподілу генотипів поліморфного локусу у сумісній виборці трьох видів, зібраних із одного і того ж біотопу.

Це дає підстави вважати, що три передбачувані види роду *Microcolpia* – *M. canaliculata*, *M. ucrainica*, *M. potamoctebia* є морфологічними формами одного і того ж виду, а конхіологічні відмінності будови черепашки можуть бути наслідком впливу неоднорідних екологічних умов проживання.

Список літератури:

1. Гарбар А. В., Чернышова Т. Н. Клональная изменчивость *Limax flavus* (Pulmonata, Limacidae): аллозимный, кариологический и морфологический анализ // Вестн. зоологии. – 2011. – 45, № 1. – С. 3-9.
2. Межжерин С. В., Василева Л. А., Жалай Е. И., Янович Л. Н. Аллозимная и конхиологическая изменчивость перловиц рода *Unio* (Bivalvia, Unionidae) в Украине // Вестн. зоологии. – 2011. – 45, № 4. – С. 307-319.
3. Перико І.О. Систематична структура родини *Melanopsidae* (Mollusca: Gastropoda: *Pectinibranchia*) з урахуванням конхіологічних, анатомічних та кариологічних ознак / І.О. Перико // Вісник тернопільського пед. університету. Серія біологічна. – 2011. – Вип. 3 (48). – С. 31-38.