

УДК 575.17:595.14

КЛОНОВОЕ РАЗНООБРАЗИЕ ПАРТЕНОГЕНЕТИЧЕСКИХ ВИДОВ ДОЖДЕВЫХ ЧЕРВЕЙ В ФАУНЕ УКРАИНЫ

С.В. МЕЖЖЕРИН¹, А.В. ГАРБАР², И.П. ОНИЩУК², Р.П. ВЛАСЕНКО²,
Е.И. ЖАЛАЙ¹

¹Институт зоологии НАН Украины,
Украина, 01601, Киев-30, ул. Б. Хмельницкого, 15, ГСП,
e-mail: mezhh@izan.kiev.ua

²Житомирский государственный университет им. Ивана Франко,
Украина, 10002, Житомир, ул. Б. Бердичевская, 40,
e-mail: saguaroklub@mail.ru

*Установлено, что у партеногенетических дождевых червей *A. trapezoides*, *A. rosea* и *O. lacteum* наивысшее клоновое разнообразие наблюдается у более мелкого *A. rosea*. У более крупных червей число клонов значительно ниже. Вероятно, это обусловлено большей скоростью метаболических и физиологических процессов, свойственной мелким животным.*

Ключевые слова: аллозимная изменчивость, клоны, полиплоидия, дождевые черви, Aporectodea.

Введение. Исследования на уровне биохимических генных маркеров [1, 2 и др.] позволили установить, что апомиктические виды дождевых червей характеризуются разной степенью клонового (генотипическо-го) разнообразия. Причем у мелких дождевых червей родов *Eiseniella*, *Dendrodrilus*, *Dendrobaena* число клонов в пределах достаточно ограниченной части ареала обычно исчисляется десятками, а у некоторых особо вариабельных видов счет идет на сотни. Это значит, что каждую третью-четвертую особь такого партеногенетического вида формально следует относить к альтернативному клону. У более крупных апомиктических дождевых червей рода *Octolasion* уровень генетического разнообразия в несколько раз ниже, и в исследованиях того же географического охвата насчитывается до десятка клонов. При этом только каждая 10–20 особь представляет иной клон. Подобная тенденция наблюдается и у других животных. Считается, что это связано с большей плотностью населения в популяциях мелких организмов и более частой сменой поколений, в связи с чем их эволюция на уровне точковых мутаций должна проходить быстрее. Возможно и иное объяснение высоких темпов мутирования мелких животных, которое базируется на большей скорости их метаболизма [3].

© С.В. МЕЖЖЕРИН, А.В. ГАРБАР, И.П. ОНИЩУК, Р.П. ВЛАСЕНКО, Е.И. ЖАЛАЙ, 2008

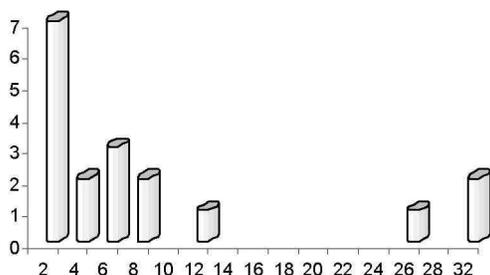


Рис. 2. Распределение клонов по числу экземпляров у *A. trapezoides* (по оси абсцисс — число особей в пределах клона, по оси ординат — число клонов)

ким к распределению редких событий (распределению Пуассона), т. е. подчиняется стохастическим закономерностям. Это подтверждается близкими значениями средней ($M = 7,88$) и стандартного отклонения ($\sigma = 10,33$).

Тенденция к отрицательно биномиальному характеру распределения объясняется субъективным характером взятия некоторых проб, в частности заведомо большими объемами выборок червей из сел Вилково и Григоровка, где было выявлено самое высокое разнообразие клонов, что должно было привести к перерассеяности распределения.

Разнообразие клонов *A. rosea*. Генетическое маркирование 224 червей *A. rosea*, выявило их явно большее генетическое разнообразие, чем у предыдущих апомиктических видов. Всего было определено 96 клонов. Причем больше половины: 67 — это были единичные экземпляры, что является нормальным для высокоизменчивых апомиктических видов дождевых червей. Максимальное число особей одного клона — 25 экз. (рис. 3) обнаружено в серии сезонных выборок из Национального ботанического сада им. Фомина (Киев).

Среднее число особей, представляющих один клон, для всех выборок *A. rosea* составило только 2,33 при

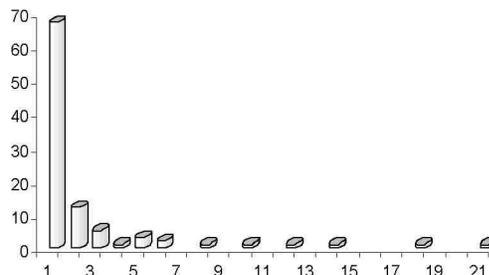


Рис. 3. Распределение клонов по числу экземпляров у *A. rosea* (по оси абсцисс — число особей в пределах клона, по оси ординат — число клонов)

стандартном отклонении 3,63, что подтверждает тенденцию к случайному распределению особей по клонам. Некоторая перерассеянность в данном случае вызвана нерандомизированными выборками, в частности из ботанического сада, что привело к непропорционально большей представленности клонов из этого места. Оценки разнообразия составили: по средневыворочному показателю 1,85 (для выборок, в которых было от 5 экз. и больше), а в целом для всех исследованных червей 5,72, что для индекса Шеннона-Уивера является показателем очень высокого разнообразия.

Генетическая структура *O. lacteum*. В исследованных популяциях *O. lacteum* выделено около 14 генетических форм, отличающихся фиксациями альтернативных аллелей в разных сочетаниях. При этом распределение особей по клонам было крайне неравномерным (рис. 4) и характеризовалось явной тенденцией перерассеяности ($M = 34,4$; $\sigma = 99,2$). Так, на две самые многочисленные формы (*O. lacteum*-А и *O. lacteum*-В) пришлось около 95% из 479 исследованных особей, и судя по изменчивости локуса *Es-4* они не представляют отдельные клоны. Тогда как третья по численности форма, исходя из множественности спектров неспецифических эстераз и

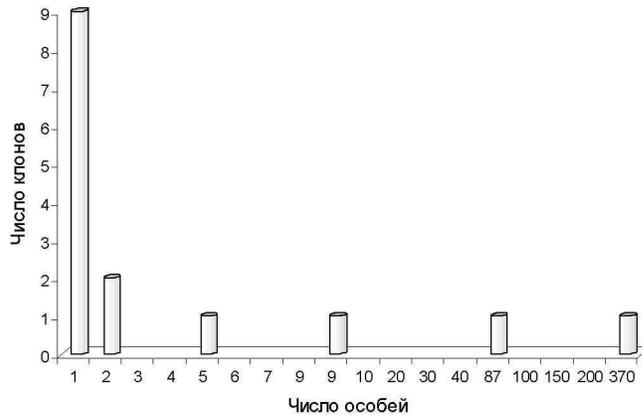


Рис. 4. Распределение клонов по числу экземпляров у *O. lacteum* (по оси абсцисс — число особей в пределах клона, по оси ординат — число клонов)

константной гетерозиготности локуса *Mdh*, вероятно, имела клоновую природу. Представлена она девятью особями, восемь из которых собрано в одном месте (с. Червоне, Золочевский р-н, Львовская обл.). Остальные генетические формы насчитывали от одной до четырех особей и были разбросаны единичными экземплярами по разным выборкам. Последнее обстоятельство чрезвычайно важно, поскольку совместное обитание однозначно доказывает, что между выявленными формами существует определенная репродуктивная изоляция. Хотя промежуточный характер спектров у некоторых особей, в частности нахождение по одному такому экземпляру в г.г. Ковеле и Рогатине, наводит на мысль о возможности случайной ограниченной гибридизации.

С учетом значительного числа выборок и общего объема материала 17 клонов на 143 исследованных особей *A. trapezoides* следует считать средним уровнем разнообразия для партеногенетических червей. В принципе это подтверждают и полученные ранее результаты, свидетельствующие о достаточно высокой консервативности *A. trapezoides* [3].

Другой, более крупный апомиктический вид — *O. lacteum* с территории Украины хотя и представлен рядом генетических типов (клонов), по сравнению с другими партеногенетическими видами имеет невысокий уровень разнообразия. Причем полученный в данном исследовании уровень клонового разнообразия, базирующийся на среднем числе особей на клон (34,4), является промежуточным по сравнению с оценками, приводимыми другими авторами [1, 6].

Генетическое разнообразие *A. rosea* — самого мелкого исследованного нами вида, оказалось существенно выше. У него клоны насчитывают в среднем в 3,4 раза меньше особей, чем у *A. trapezoides*, и в 14,8 раз меньше, чем у *O. lacteum*. При этом не было выборок от пяти и более экземпляров, в которых все особи принадлежали к одному генотипу (клону). В каждой географической выборке был свой набор клонов *A. rosea*, тогда как у *A. trapezoides* некоторые клоны встречались в географически весьма отдаленных выборках, а у *O. lacteum* два генотипа доминировали по всей исследованной территории.

Выводы

Таким образом, проведенное исследование показало, что наивысшее клоновое разнообразие наблюдается у более мелкого вида *A. rosea*, который можно отнести к гипервариабельным таксонам. У более крупных червей количество обнаруженных клонов значительно ниже. Поскольку исследованные виды являются партеногенетическими, плотность и размер популяций не могут влиять на уровень их генетического разнообразия. Следовательно, эта закономерность, вероятно, обусловлена большей скоростью метаболических и физиологических процессов, свойственной мелким животным.

Список литературы

1. Jaenike J., Parker E.D., Selander R.K. Clonal niche structure in parthenogenetic earthworm *Octolasion tirtaeum* // Amer. Natur. – 1980. – 116. – P.196-205.
2. Terhivuo J., Saura A. Allozyme variation in parthenogenetic *Dendrobaena octaedra* (Oligochaeta: Lumbricidae) populations of Eastern Fennoscandia // Pedobiologia. – 1990. – 34, N.2. – P. 113-139.
3. Межжерин С.В. Связь гетерозиготности аллозимных локусов с размерами тела у позвоночных животных // Генетика. – 2002. – 38, № 9. – С.1252-1258.
4. Бызова Ю. Б., Гуляров М. С. Количественные методы в почвенной зоологии. — М.: Наука, 1987. – 288 с.
5. Peacock F.C., Bunting S.L., Queen K.G. Serum protein electrophoresis in acrilamide gel patterns from normal human subjects // Science. – 1965. – 147. – P. 1451-1455.
6. Heethoff M., Etzold K., Scheu S. Mitochondrial COII sequences indicate that the parthenogenetic earthworm *Octolasion tyrtaeum* (Savigny 1826) constitutes of two lineages differing in body size and genotype // Pedobiologia. – 2003. – №47. – P. 9-13.

Представлена В.А. Кунахом
Поступила 11.02.08

КЛОНОВЕ РІЗНОМАНІТТЯ ПАРТЕНОГЕНЕТИЧНИХ ВИДІВ ДОЩОВИХ ЧЕРВІВ У ФАУНИ УКРАЇНИ

С.В. Межжерин¹, О.В. Гарбар²,
І.П. Онищук², Р.П. Власенко², Є.І. Жалай¹

¹Інститут зоології НАН України, Україна,
01601, Київ-30, вул. Б. Хмельницького, 15,
ГСП, e-mail: mez@izan.kiev.ua²

Житомирський державний університет ім.
Івана Франка,
Україна, 10002, Житомир, вул. Б. Берди-
чевська, 40, e-mail: saguaroklub@mail.ru

Встановлено, що у партеногенетичних дощових черв'як *A. trapezoides*, *A. rosea* і *O. lacteum* найвища клонова різноманітність спостерігається у більш дрібного *A. rosea*. У більш великих черв'як число клонів значно нижче. Імовірно, це зумовлено більшою швидкістю метаболічних і фізіологічних процесів, властивою дрібним тваринам. **Ключові слова:** алозимна мінливість, клони, поліплоїдія, дощові черви, *Aporrectodea*.

CLONAL DIVERSITY OF PARTHENOGENETIC EARTHWORMS SPECIES IN UKRAINE FAUNA

S.V. Mezherin¹, A.V. Garbar², E.D.
Korshunova², D.A. Garbar², E.I. Zhelay²

¹Schmalhausen Institute of Zoology of NAS
of Ukraine,

Ukraine, 01601, Kiev, B. Khmel'nitskogo 15,
e-mail: mez@izan.kiev.ua

²Ivan Franko Zhitomyr State University,
Ukraine, 10002, Zhitomir, Berdichevskaya,
40,
e-mail: saguaroklub@mail.ru

Is established, that at parthenogenetic earthworms *A. trapezoides*, *A. rosea* and *O. lacteum* the highest clonal diversity is observed at smaller *A. rosea*. At larger worms the number of clones considerably below. Possibly, it is caused by the greater rate of metabolic and physiological processes inherent to small animals.

Key words: allozyme variation, clones, polyploidization, earthworms, *Aporrectodea*.