

МОРФОЛОГИЧЕСКОЕ И ГЕНЕТИЧЕСКОЕ РАЗНООБРАЗИЕ ПОПУЛЯЦИИ *ANADARA KAGOSHIMENSIS* В АЗОВО-ЧЕРНОМОРСКОМ РЕГИОНЕ



М.С. Ананьева¹, У.В. Симакова¹, Г.А. Колючкина¹, К.А. Лутаенко²

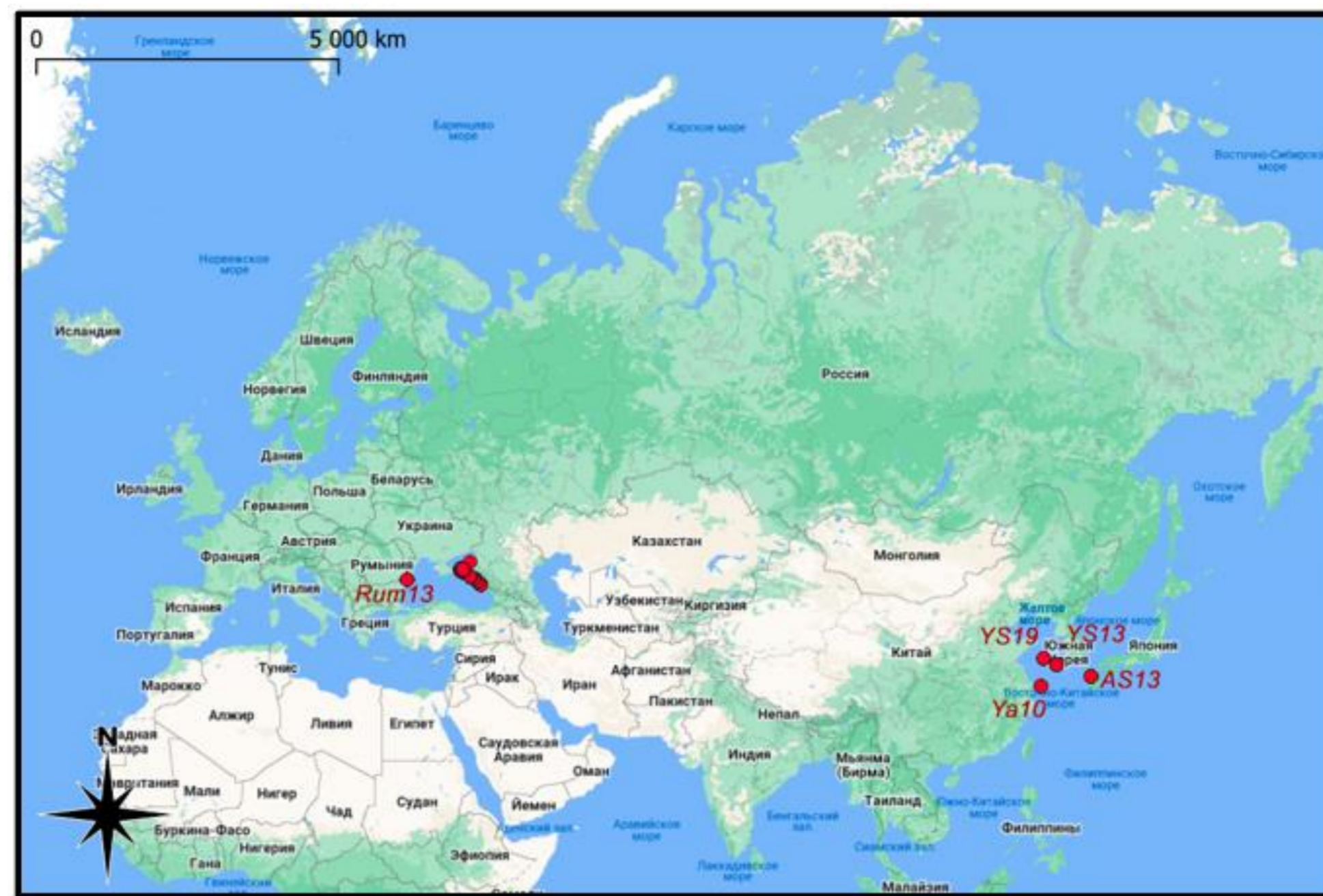
¹Институт океанологии им. П.П. Ширшова РАН

²Национальный научный центр морской биологии им. А.В. Жирмунского ДВО РАН

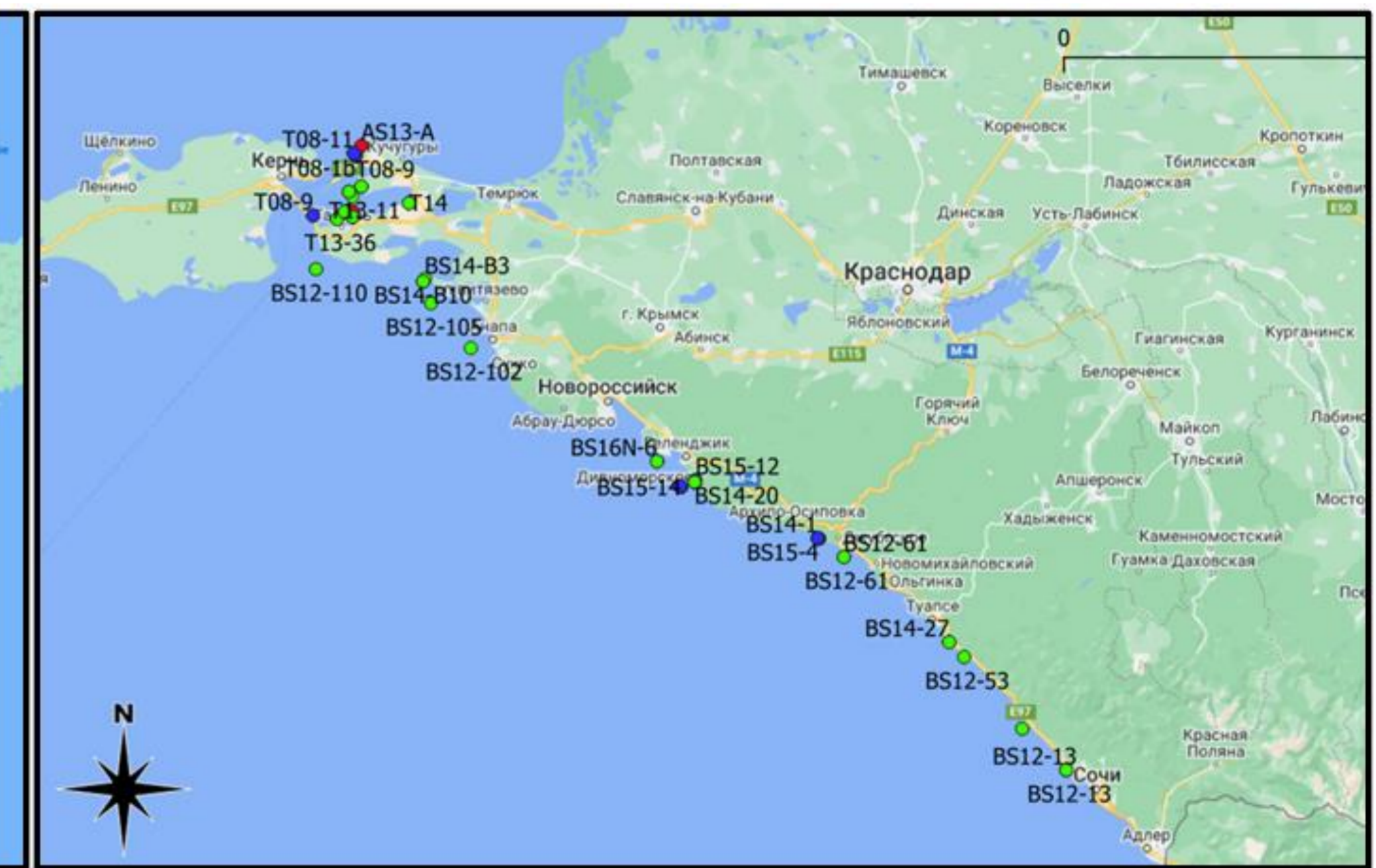


Ранее были проведены исследования морфологического и генетического разнообразия внутри разных популяций *A. kagoshimensis*, как из естественного ареала, так и в районе интродукции: средиземноморско-черноморском регионе. Популяции этого вида в Черноморском регионе отличаются высоким морфологическим разнообразием и низким разнообразием участка митохондриального гена COI. Однако существуют публикации, которые говорят о высоком генетическом полиморфизме в популяциях этого вида как в естественном ареале, так и в районах интродукции.

Комплексный подход к изучению разнообразия этого вида мог бы помочь разобраться в этом вопросе.



Точки сбора в нативном регионе (Ya10, Ys13, AS 13, YS19) и в регионе вселения (Rum13 и без названия – северо-Кавказское побережье)

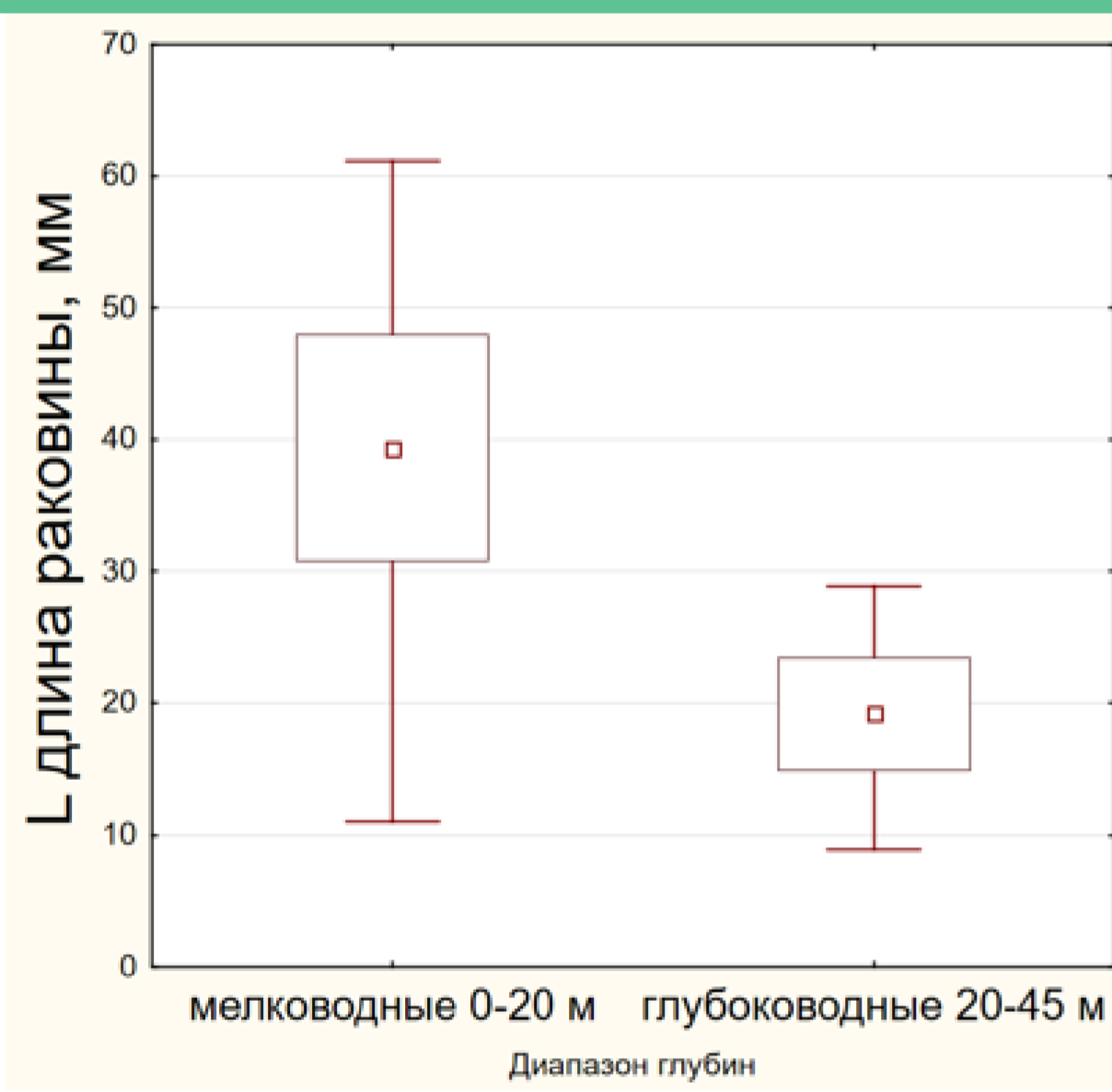


Азово-Черноморский регион:

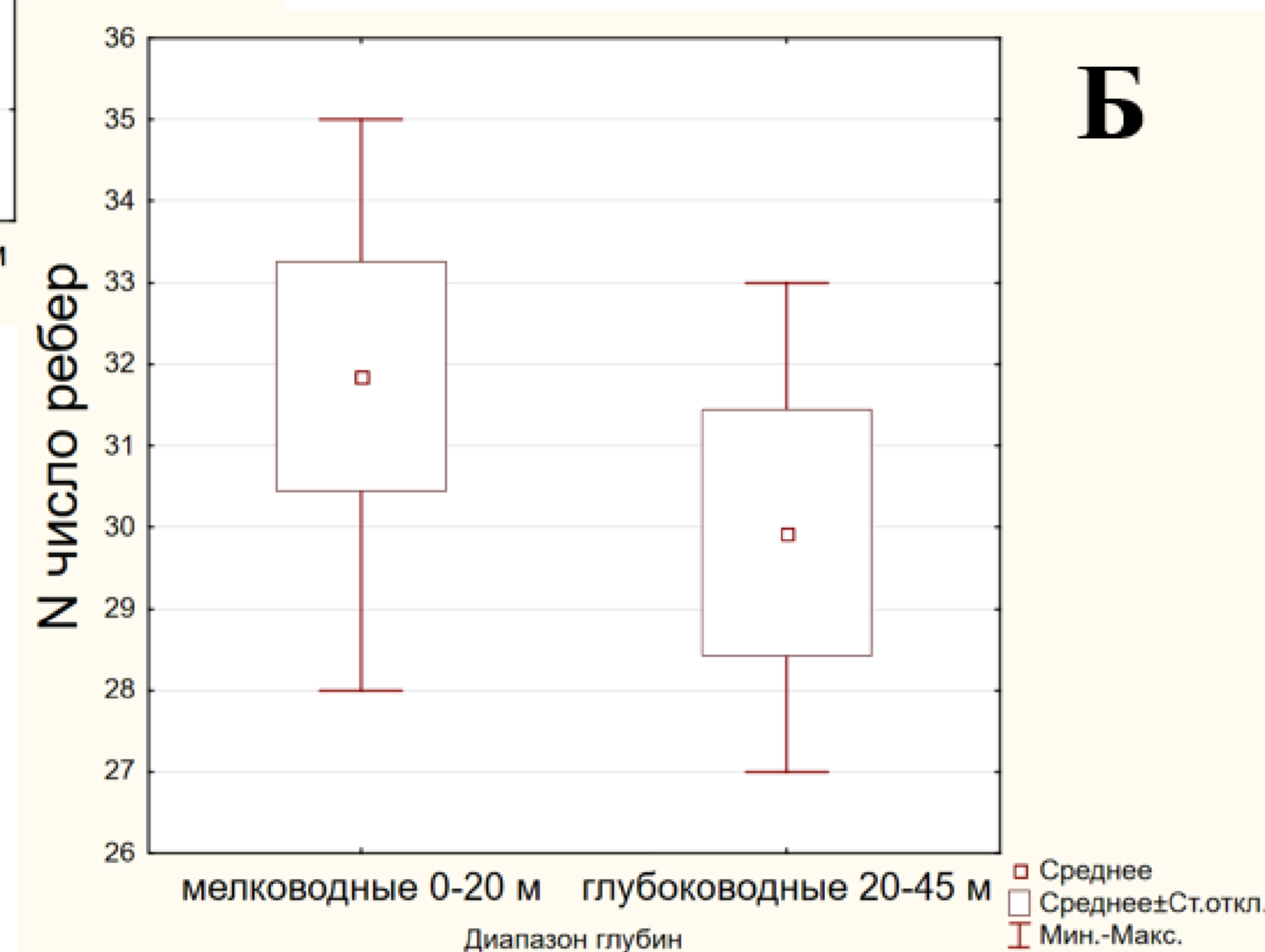
зеленым цветом обозначены станции, для которых известны генетические и морфологические данные
синим цветом – станции, от которых известны только морфологические данные
красным цветом – известны только генетические данные

Зависимость длины раковины (А) и числа ребер (Б) *A. kagoshimensis* от глубины в Черном море

Мелководный образец



А



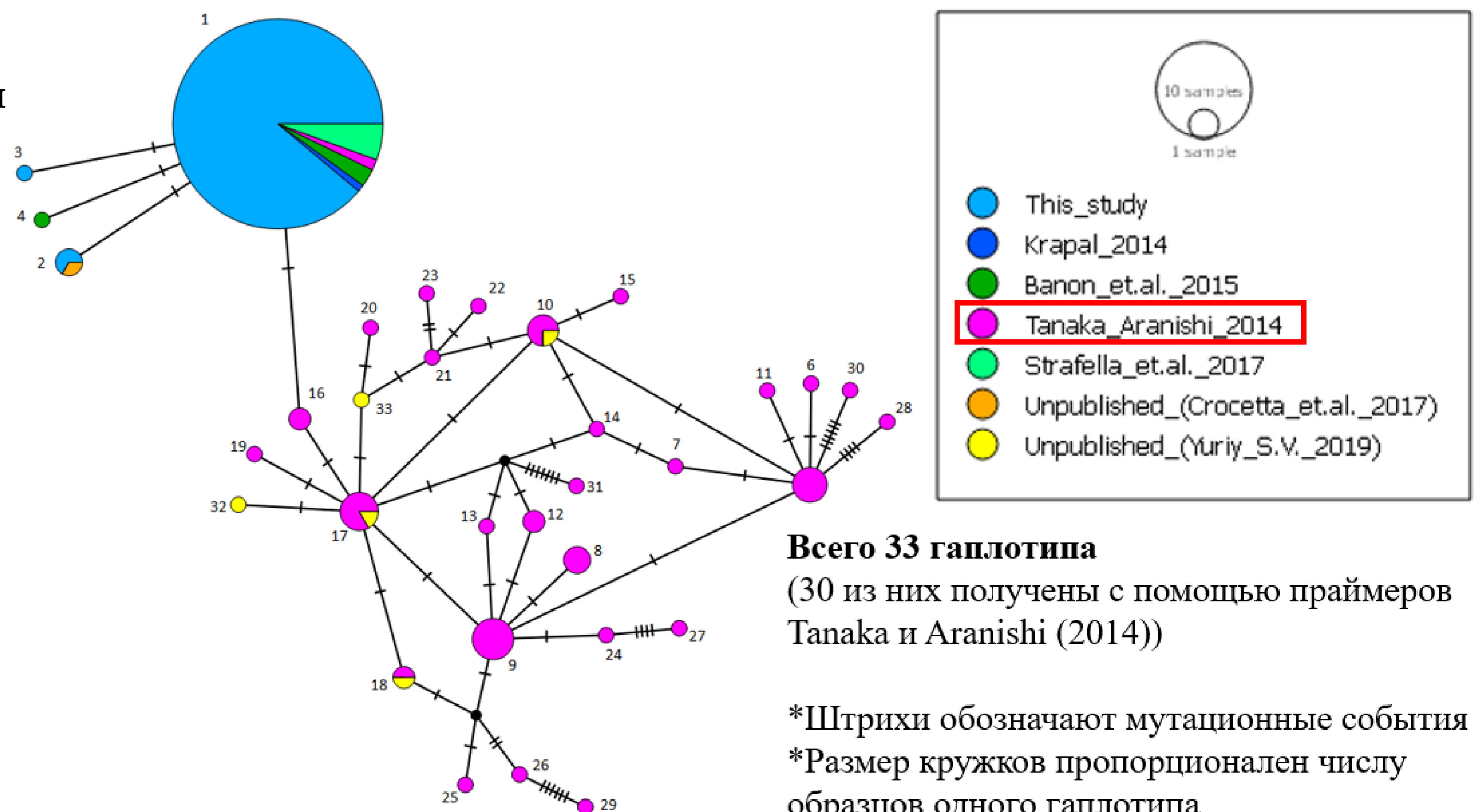
Глубоководный образец



- Диапазон **морфологической** изменчивости (строения раковины и числа ребер) у *A. kagoshimensis* достаточно широкий, и все выборки из разных регионов (российского сектора Чёрного и Азовского моря, а также Желтого и Восточно-Китайского моря) укладываются в этот диапазон. **В Черном море**, по морфологическим данным, выделено **две популяции *A. kagoshimensis***: глубоководная с округлой раковиной и меньшим количеством ребер и мелководная с вытянутой раковиной и большим количеством ребер.

Сеть митохондриальных гаплотипов *A. kagoshimensis* на основании гена COI (238 последовательностей, 450 п.н.). GenBank и собственные данные

• **Генетический** анализ участка (596 п.н.) митохондриального гена COI не выявил отличий в популяциях. В целом, по нашим данным, генетическое разнообразие *A. kagoshimensis* в инвазивном регионе было выше, чем в нативном, хотя в обоих регионах доминировал один гаплотип гена COI. Также выявлено, что часть последовательностей гена COI в базе данных GenBank (работа Tanaka и Aranishi, 2014) являются набором ядерных копий митохондриального гена, и использовать их для целей сравнения генетического разнообразия популяций нельзя.



Всего 33 гаплотипа (30 из них получены с помощью праймеров Tanaka и Aranishi (2014))

*Штрихи обозначают мутационные события
*Размер кружков пропорционален числу образцов одного гаплотипа