

## ПРИМЕНЕНИЕ МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКИХ МАРКЕРОВ В СИСТЕМАТИКЕ *HELICOPSIS* SPP. (GASTROPODA; PULMONATA; HYGROMIIDAE)

А.А. Сычев, Э.А. Снегин

Белгородский государственный университет, Белгород  
syuch20@yandex.ru

Ксерофильные моллюски рода *Helicopsis* степных регионов Украины, в особенности Крыма и Донецкой области, характеризуются высокой внутривидовой изменчивостью конхнологических и анатомических признаков (Гураль-Сверлова, 2006). Однако, несмотря на отсутствие комплексных данных по биологии, экологии, степени межпопуляционной изменчивости фенотипических и генетических признаков у *Helicopsis* sp., происходит описание новых оригинальных форм со статусом подвидов и даже видов, причем иногда на основании ограниченного материала. В связи с возникшей ситуацией становится необходимой таксономическая ревизия рода. Причем использование молекулярно-генетических маркеров является необходимым звеном в построении объективной системы *Helicopsis* sp.

В выборках моллюсков из популяций *Helicopsis striata* «Губкин», «Дивногорье» и «Петропавловка А» (Снегин, 2011), популяции типового местонахождения *Helicopsis luganica* (Гураль-Сверлова, 2010) и популяции *Helicella candicans* (Киев, правый берег Днепра) проводился анализ изменчивости локусов неспецифических эстераз (EST), супероксиддисмутазы (SOD), малатдегидрогеназы (MDG), глюкозо-6-фосфатдегидрогеназы (G-6-PDG) и изоцитратдегидрогеназы (IDG), полученных методом электрофореза в ПААГ, а также ISSR-фингерпринтов по праймерам UBS 811, UBS 827, IT2, SAS1 и SAS3 (ПЦР, BioRad).

Выявленные локусы изоферментов можно разделить на три группы: 1) мономорфные, общие для трех видов (SOD1, EST1); 2) общие только для *H. striata* и *H. luganica* (SOD4, EST8) или встречающиеся только у *H. candicans* (SOD7, MDG1); 3) полиморфные локусы, представленные разными аллельными вариантами одного изофермента во всех исследованных популяциях моллюсков (SOD3, G-6-PDG3, IDG1). По большинству ферментных систем *H. candicans* хорошо расходуется с *Helicopsis* sp. Изменчивость популяции *H. luganica* находится в пределах межпопуляционной изменчивости *H. striata*: по EST и SOD стоит ближе к группе «Беленихино», по G-6-PDG и IDG к группе «Дивногорье», по MDG3 – оригинальна.

По частотам фингерпринтов ISSR-праймеров *Helicopsis* sp. и *H. candicans* расходятся плохо в связи со значительной межпопуляционной изменчивостью *H. striata* (за исключением амплификонов по праймеру SAS3). Так, генетические дистанции между популяциями *H. striata* в некоторых случаях могут быть выше, чем межвидовые дистанции с *H. candicans*. В связи с этим, полагаем, что необходима проверка таксономического единства *H. striata* на территории Среднерусской возвышенности. При этом *H. luganica* по ДНК-маркерам хорошо отличается от *H. candicans* и ближе всего стоит к популяции *H. striata* «Дивногорье». Дальнейшая работа в данном направлении будет проводиться с учетом изменчивости митохондриальных генов COI и DДНК (Steinke, 2004).

Выражаем благодарность к.б.н. И.А. Балашеву за предоставленный материал.