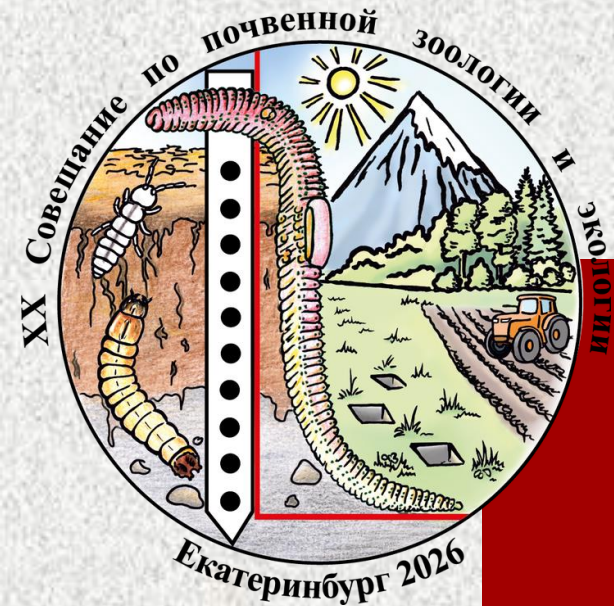


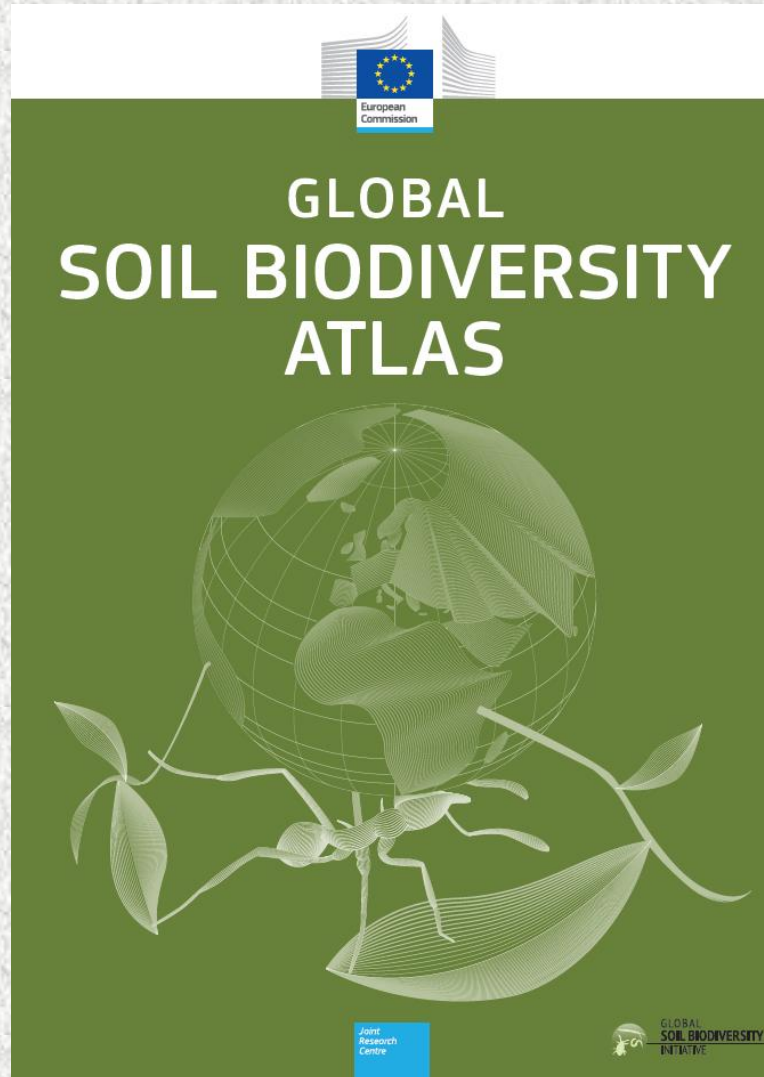


Проблема вида в почвенной зоологии: текущие вызовы



Н.А. Кузнецова, М.Б. Потапов

Насколько выявлено разнообразие? Этап α -систематики ...



Organism size	Group	Known species	Estimated species	% described
	Vascular plants	350700	400 000	88 %
	Macrofauna			
	Earthworms	7 000*	30 000*	23 %
	Ants	14 000	25 000 - 30 000	60 - 50 %
	Termites	2 700	3 100	87 %
	Mesofauna			
	Mites	40 000*	100 000	55 %
	Collembolans	8 500*	50 000	17 %
	Microfauna ad microorganisms			
	Nematodes	20 000 - 25 000*	1 000 000 - 10 000 000*	0.2 - 2.5 %
	Protists	21 000*	7 000 000 - 70 000 000*	0.03 - 0.3 %
	Fungi	97 000	1 500 000 - 5 100 000	1.9 - 6.5 %
	Bacteria	15 000	>1 000 000	<1.5 %

Причины слабой изученности:

- ✓ мало таксономистов,
- ✓ неохваченные территории,
- ✓ криптические виды, выявляемые лишь генотипированием.

Старая шутка таксономистов

«Вид – это то, что опытный систематик считает видом»
Напомнил А. Кронквист («Once again, what is a species?», 1978, американский ботаник.

Определение усложняют

криптические
виды

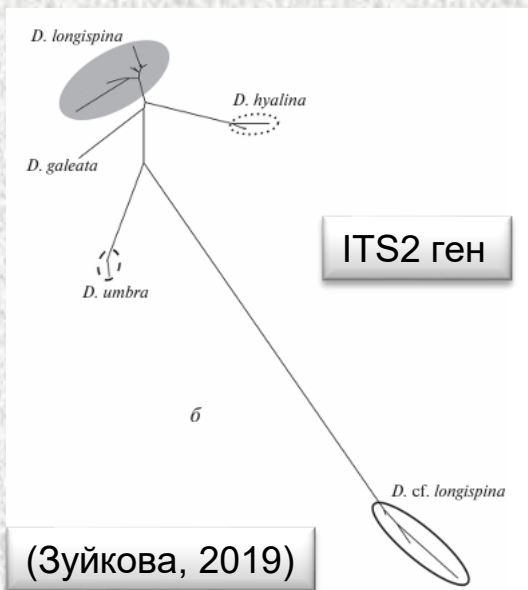
фенотипически
изменчивые виды

Внешне сходные, но
генетически разные

Внешне разные, но
генетически сходные

Daphnia longispina sensu lato
включает:

D. longispina s.str., *D. hyalina*,
D. umbra, *D. cf. longispina*.

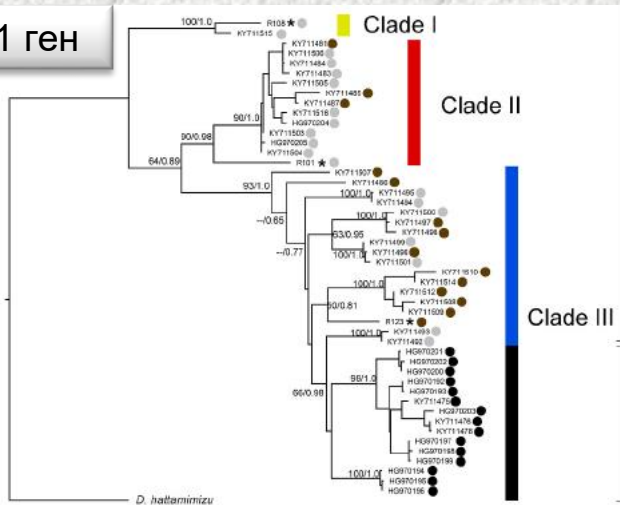


Harmonia axyridis

А что в почвенной зоологии? Фенотипическая пластичность

Памяти Геннадия Ганина...

Дождевой червь *Drawida ghilarovi*



Клада 1: серая морфа.

Клада 2: серая, реже
коричневая морфы.

Клада 3: черная (*D. ganini*),
коричневая и серая морфы.

Shekhovtsov et al., 2022:
Необоснованно разделять вид
на основе цветковых форм.

Итог: проблема
фенотипической пластичности
может быть решена
молекулярными методами.

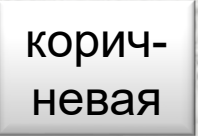
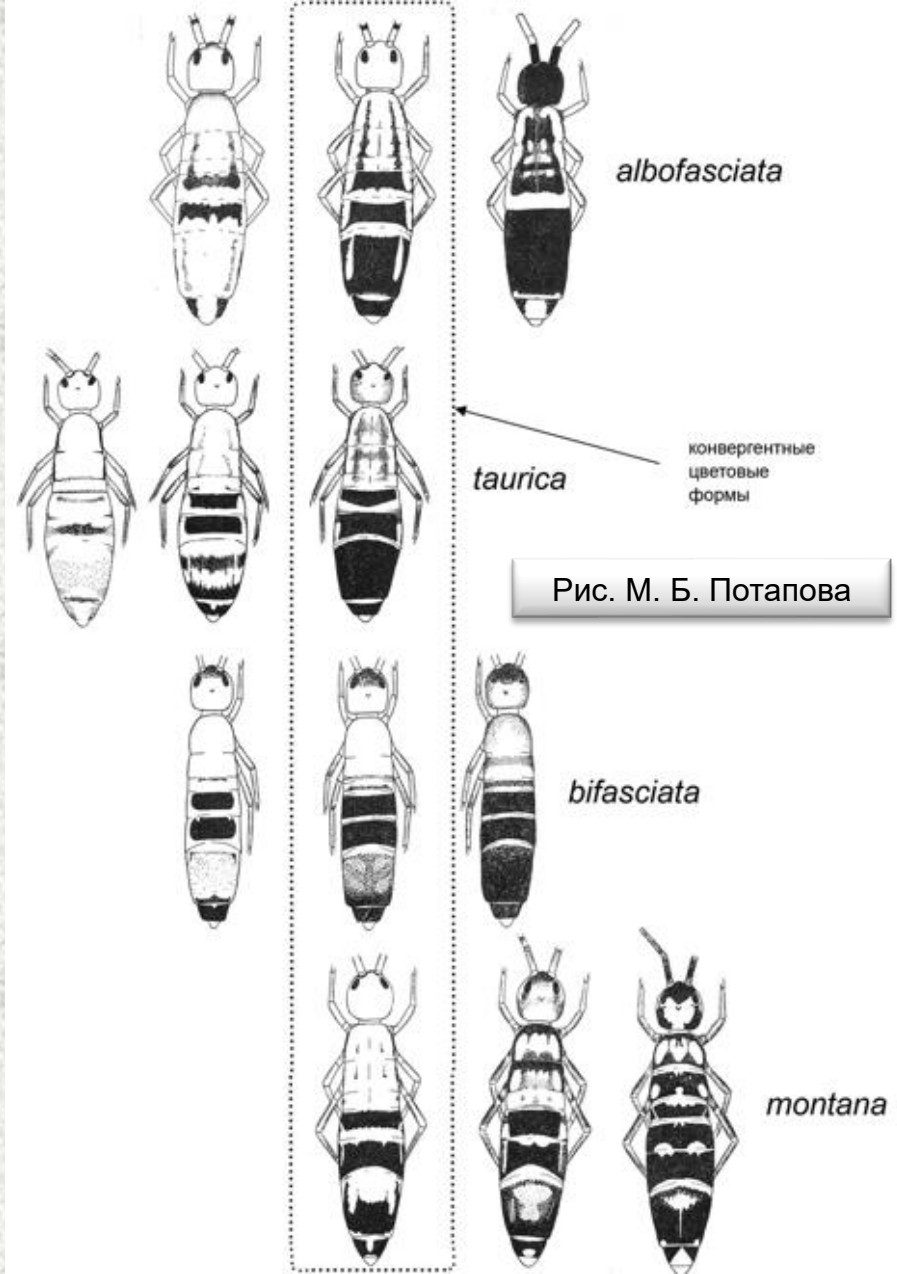
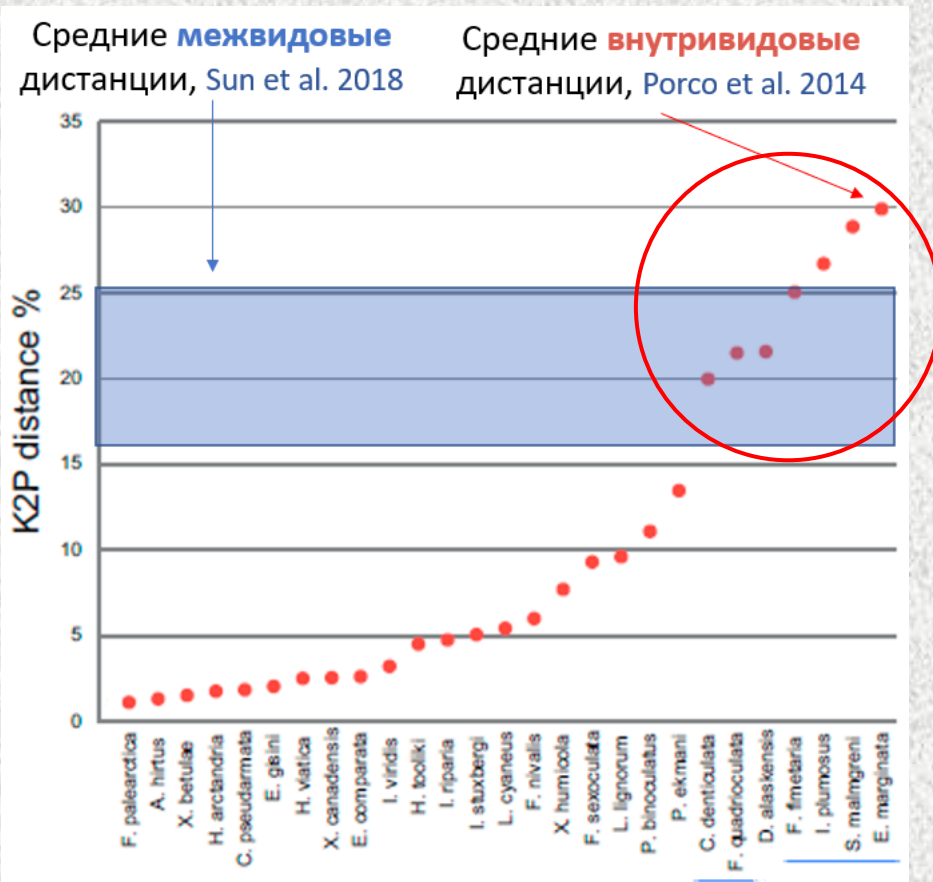


Фото Г. Ганина (2013) и А. Гераськиной



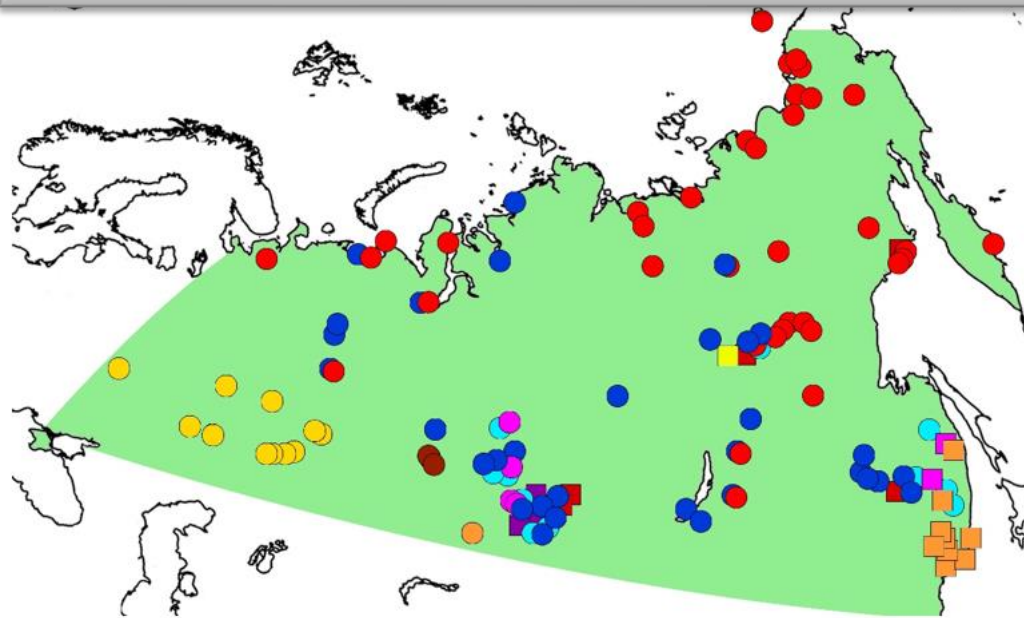
Виды коллембол рода *Orchesella*: их деление наверняка пока не знаем...

Генетический полиморфизм почвенных животных: все сложнее...



Коллемболы: немало широко распространенных видов включает генетически далекие формы.

С.В. Шеховцов: Распространение 9-ти генетических линий дождевого червя *Eisenia nordenskioldi*.



«Почти все распространенные в России и на сопредельных территориях виды [дождевых червей] представляют собой совокупность из нескольких филогенетических линий, нередко имеющих морфологические отличия и частично репродуктивно изолированных. Эти линии могут рассматриваться как отдельные виды, нуждающиеся в описании».

Разнообразие почвенных животных и молекулярно-биологический критерий вида

Виды отличают

Только
морфологически

Только по молеку-
лярным признакам

Сочетают
морфологические
и молекулярные
признаки

Виды не отличают

Разнообразие с точки
зрения т. н. функциональных
признаков

Можно
измерить в
выборке

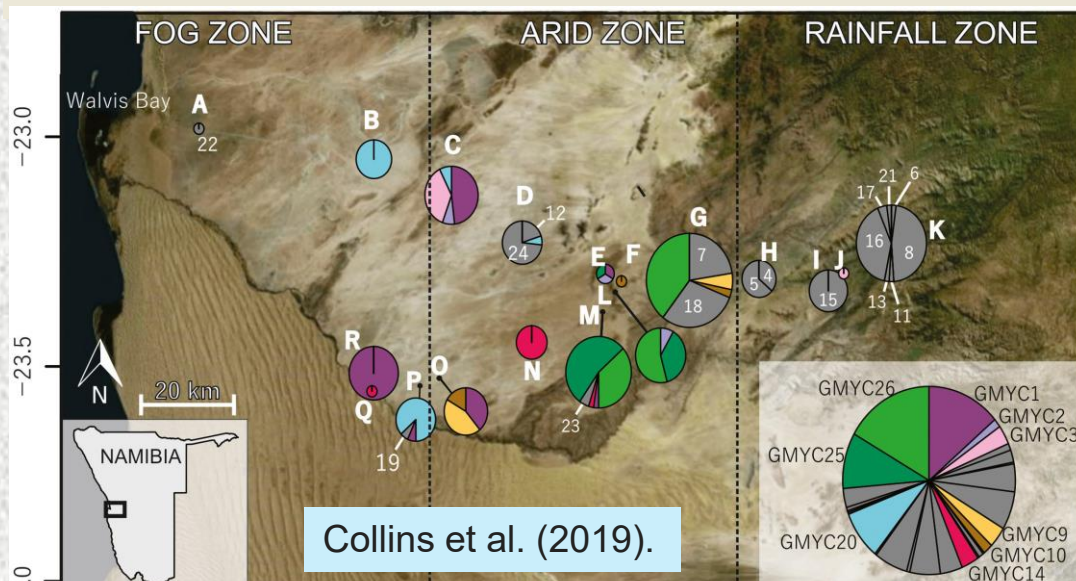
Нужны эксперименты
или литературные
данные

Длина, конечностей,
количество глазков ...

Отношение к температуре,
влажности ...

Виды отличают только по молекулярным признакам

1. Авторы изучают разнообразие без морфологической систематики, используя MOTUs - молекулярные операционные таксономические единицы.

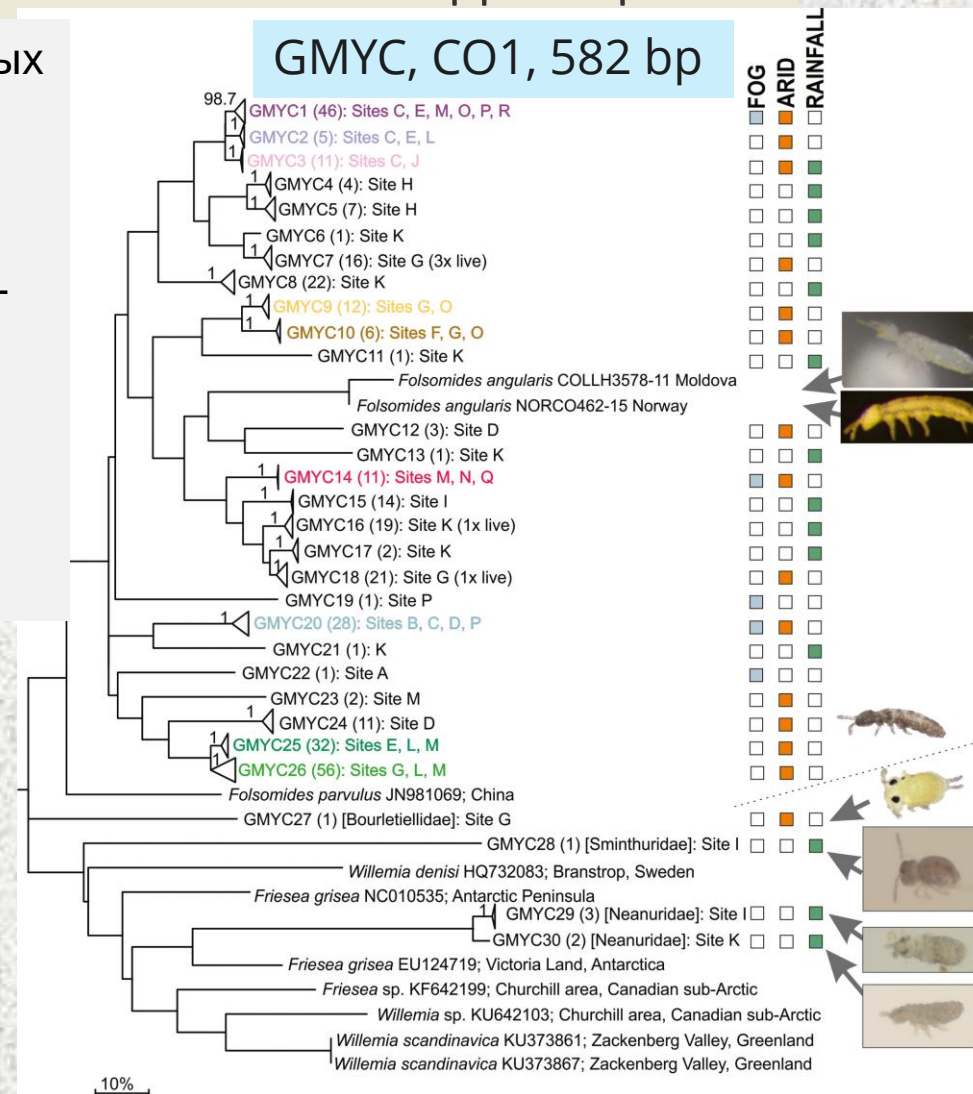


30 предполагаемых видов с расхождением последовательностей **до 28 %** (расстояние). Из них 5 определено до вида (16,7% разнообразия).

Выводы: высокое генетическое разнообразие является результатом существования древних линий коллембол, неравномерного распределения подходящих мест обитания и ограниченного расселения (потока генов) между пригодными для жизни местами.

На самом деле мы не знаем, что такое эти MOTU-виды:

- 1) новые для науки,
- 2) известные, но не описанные генетически,
- 3) описанные, но не помещенные в доступные базы.



Что имеем

Текущая ситуация

Что делать

Слабая генетическая изученность.
Приблизительные оценки случаев
генотипирования при описаниях новых
видов в статьях последних лет:

- ✓ для гамазовых клещей – 10–25%,
- ✓ для панцирных клещей – 20-40%,
- ✓ для коллембол – 30-50%,
- ✓ для дождевых червей – 50-70%.

Taxon	Described species	Barcoded species (>500 bp)	Coverage (%)
Collembola	8926	1519	17.0%
Oribatida	11096	212	1.9%
Enchytraeidae	818	545	66.6%

Abbreviation: COI, cytochrome c Oxidase subunit I.

Таблица из обзора Danilova et al.(2025). Investigating soil mesofauna
cryptic diversity: Current challenges and perspectives. Methods in Ecology
and Evolution, 16(8), 1587-1598.

Изученные последовательности не всегда
заносят в международные базы данных.

Осваивать генотипирование:

- минимально (выделение ДНК),
- лучше (выделение + ПЦР),
- секвенирование обычно
проводят фирмы.

Использовать хотя бы 2 гена,
включая Cox1

Заносить
результаты в
GenBank, Bold, а
также в GBIF.



Текущая ситуация: неопределенность статуса генетических линий

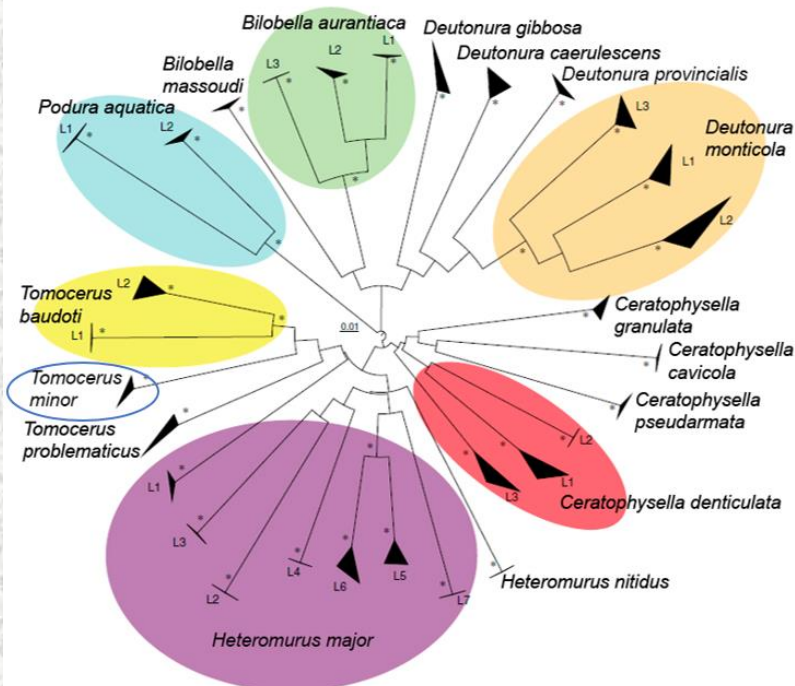
Что имеем

Молекулярные признаки имеются и указывают на различия видового уровня. Но новые виды не описывают без морфологической поддержки.

Что делать

Разрабатывать теорию, привлекая другие критерии изучения генетических линий: биологический, физиологический, экологический и географический.

Porco et al. 2012



Генетическое дерево (алгоритм NJ) по гену COI для 16 видов

На практике, помня о фаунистах и экологах:

- ✓ для генетически полиморфных видов добавлять к названию s. l. (sensu lato),
- ✓ может быть, использовать термин «группа» такого-то вида (как у млекопитающих: *Sorex araneus* group).
- ✓ по возможности уточнять генетическую линию.

Что советуют делать с криптическими видами при изучении других групп?

Криптических видов не существует?

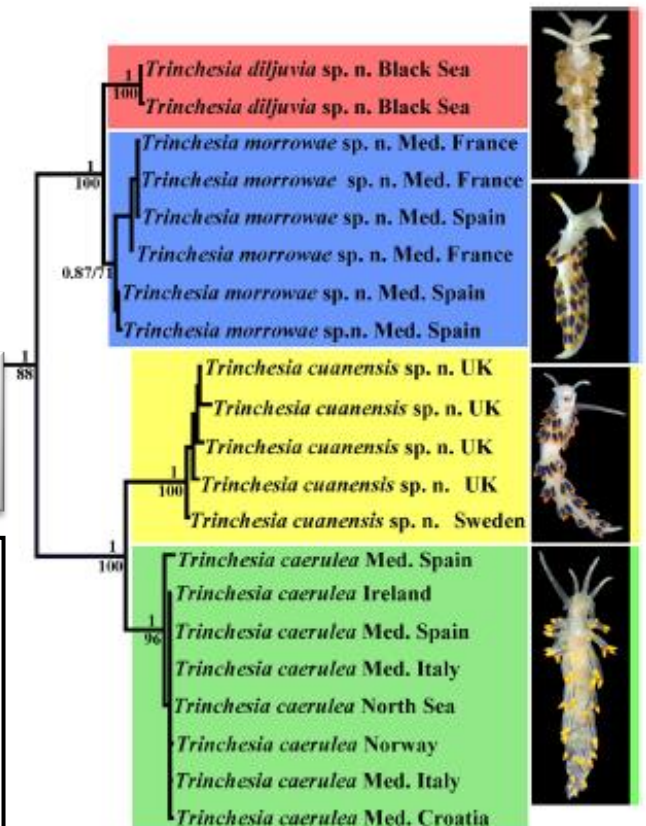
Korshunova et al. (2019) Multilevel fine-scale diversity challenges the 'cryptic species' concept // Scientific Reports. 9, № 6732, 1-23. <https://doi.org/10.1038/s41598-019-42297-5>

"Fine-scale multilevel framework". Следует опираться на "презумпцию наличия морфологических различий... когда невозможно выявить морфологические различия, следует отложить этот нерешенный вопрос для будущих исследований, а не утверждать, что морфологических различий не существует. На примере голожаберных моллюсков *Trinchesia caerulea* показан «комплекс, который ранее считался «криптическим», при детальном морфологическом и молекулярном анализе распадается на несколько хорошо диагностируемых видов.

Только комплексный подход позволяет надёжно разграничивать криптические виды...

Авторы настаивают на необходимости **сочетания данных из разных источников**:

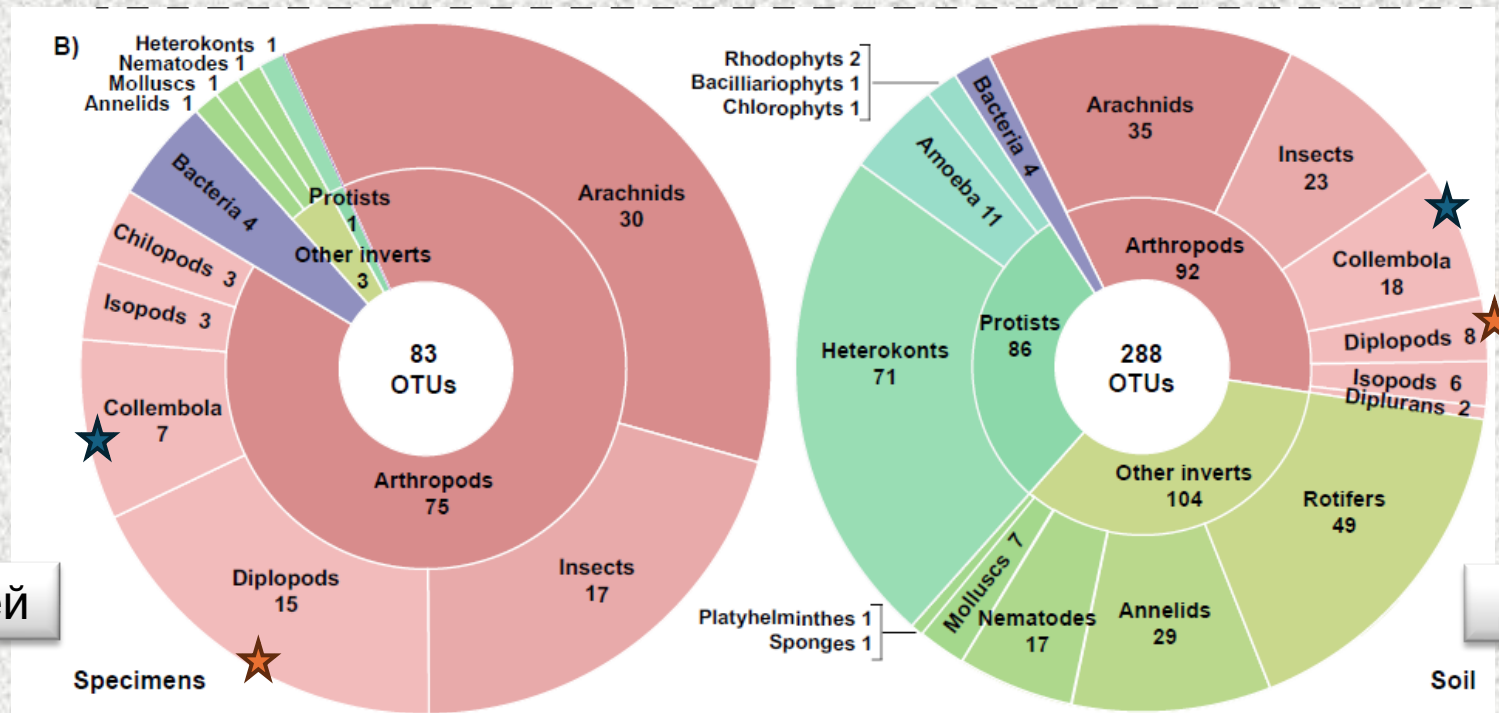
- морфология (макро- и микроскопическая, внешняя и внутренняя);
- молекулярная филогения;
- экология (ниша, хозяин, сезонность);
- физиология и репродуктивная биология;
- географическое распространение.



Ekanayaka et al. (2025). Species evolution: cryptic species and phenotypic noise with a particular focus on fungal systematics. Frontiers in Cellular and Infection Microbiology, 15, 1497085.

Что ждет в ближайшей перспективе?

Оценка разнообразия метабаркодингом



ДНК из почвы показывает в разы большее разнообразие, но картина для отдельных групп может существенно отличаться.

ДНК из особей

ДНК из почвы

Figure 2 Taxonomic breakdown of the classified reads and OTUs generated from (A) 22 samples including three specimen and 19 soil samples, and (B) the subset of six paired specimen and soil samples.

Young MR, Hebert PDN. 2022. Unearthing soil arthropod diversity through DNA metabarcoding. PeerJ 10:e12845 <http://doi.org/10.7717/peerj.12845>.

648 п.н. Cox1

Заключение

- ✓ Почвенных зоологов неоправданно мало интересует молекулярный критерий для различения видов.
- ✓ Те, кого этот критерий интересует, не нашли пока решения, как его использовать в случае далеких генетических линий внутри вида.
- ✓ Самая тяжелая ситуация – это широко распространенные генетически полиморфные виды. Их возможное, генетически оправданное, дробление крайне усложнит те экологические исследования, где оценивается разнообразие.
- ✓ Однако, невнимание к проблеме вида потенциально ведет к ошибкам в оценках разнообразия, т.е. базовой информации, на основе которой делается множество выводов.
- ✓ Необходимо понять, что представляют собой внутривидовые генетические линии с помощью лабораторных и полевых исследований. С одной стороны, это поможет определить их как криптические виды или сложно организованный видовой комплекс. С другой – прольет свет на процесс экологического видообразования.

Заключение

- ✓ Нужны компромиссы для фаунистических и экологических исследований, в то же время понимание неточности получаемых сегодня оценок разнообразия.
- ✓ Где компромисс уже сейчас невозможен? В биотестировании, где разные генетические линии одного вида могут оказаться экологически разными (например, по толерантности к тяжелым металлам, см. случай коллемболы *Parisotoma notabilis* в докладах А. Стрючковой и М. Глаголевой).
- ✓ Где компромисс возможен, но нежелателен? В экологическом мониторинге. Чувствительные к нарушениям экотипы одного вида могут замещаться толерантными без изменения видового разнообразия.

Спасибо за внимание!

