

XX Совещание по почвенной зоологии и экологии
Институт экологии растений и животных УрО РАН

**Генетическая неоднородность
Aporrectodea caliginosa и *A. trapezoides*
Центрального Казахстана по данным
митохондриального гена *COI***



Петрунин-Сухарев А.А.1, Шашков М.П.1,
Шеховцов С.В.2, Полубоярова Т.В.2, Иванова Н.
В.3

1 - КарНИУ имени академика Е.А. Букетова, г.
Караганда; 2 - ИМПБ РАН — филиал ИПМ им.
М.В. Келдыша РАН, г. Пущино; 3 - ФИЦ ИЦиГ
СО РАН, г. Новосибирск



Введение

- Центральный Казахстан изучен мало с точки зрения внутривидовой генетической структуры дождевых червей.
- Молекулярно-генетические методы позволили выявить значительное скрытое разнообразие дождевых червей, выражающееся в наличии филогенетических линий и видов, не всегда совпадающих с морфологическими признаками.
- Изолированность лесных массивов среди степей делает регион модельной территорией для изучения расселения и дифференциации дождевых червей.

Цель и задачи

Охарактеризовать генетическое разнообразие дождевых червей рода *Aporrectodea* на территории Центрального Казахстана.

1. Сформировать референсную выборку последовательностей *COI* из Казахстана и других регионов.
2. Определить филогенетическое положение казахстанских образцов.
3. Оценить генетическую близость казахстанских образцов к мировым последовательностям.

Полевой материал

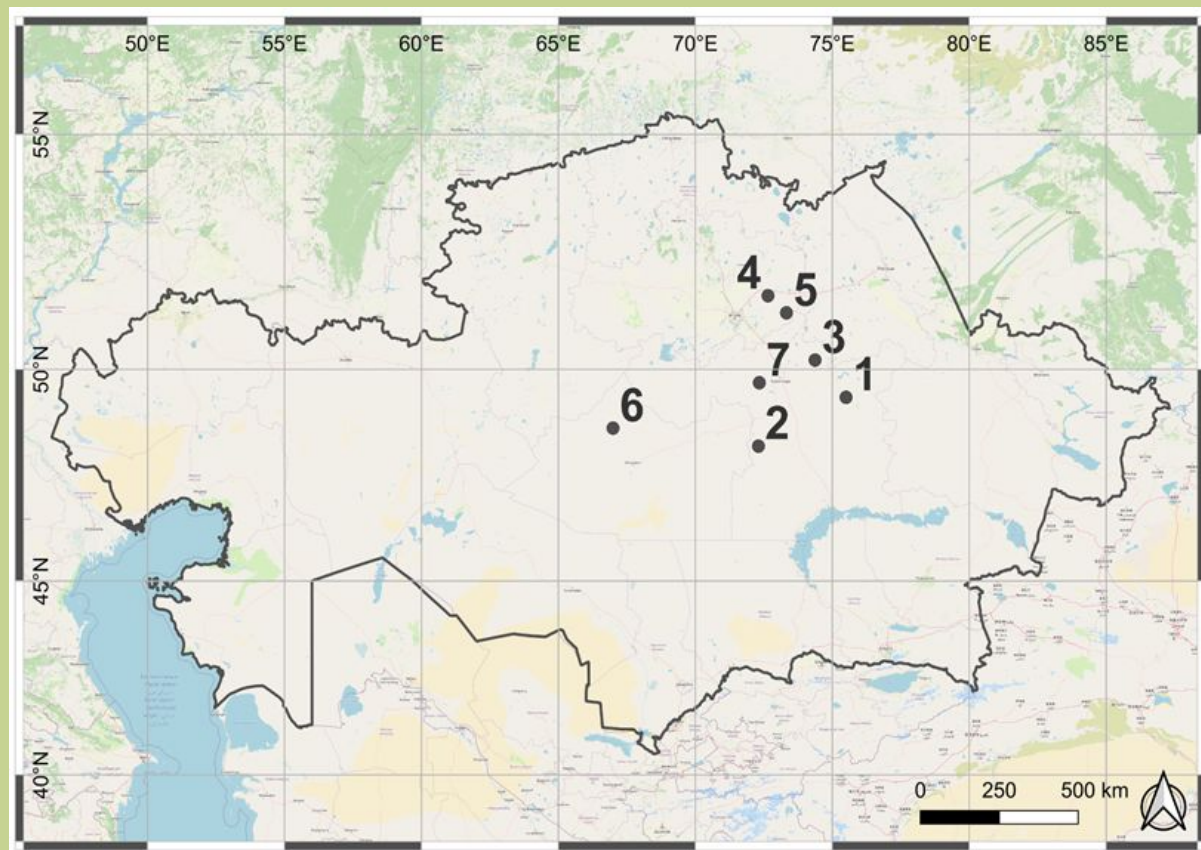
Три полевых сезона: 2023–2025 гг.
[gbif.DOI10.15468/d4k8cg]

Отобрано 30 экземпляров видов
Aporrectodea caliginosa (Savigny,
1826), *Aporrectodea trapezoides*
(Dugès, 1828), *Aporrectodea rosea*
(Savigny, 1826).



Район исследования

1 – Каркаралинский ГНПП (горно-лесной массив); 2 – горно-лесной массив Ортау; 3 – островные леса в районе пос. Керней; 4 и 5 – природный парк Буйратау: 4 – степные колки возле города Ерементау; 5 – степные колки в районе пос. Белодымовка; 6 – степные колки в окрестностях пос. Улытау; 7 – степные колки в районе сопки Коянды.



Методы

Анализировались последовательности митохондриального гена *COI*. Секвенирование осуществлено методом Сэнгера в Межинститутском Центре коллективного пользования секвенирования ДНК (Новосибирск).

Модель скорости нуклеотидных замен: “GTR+(G)+I”

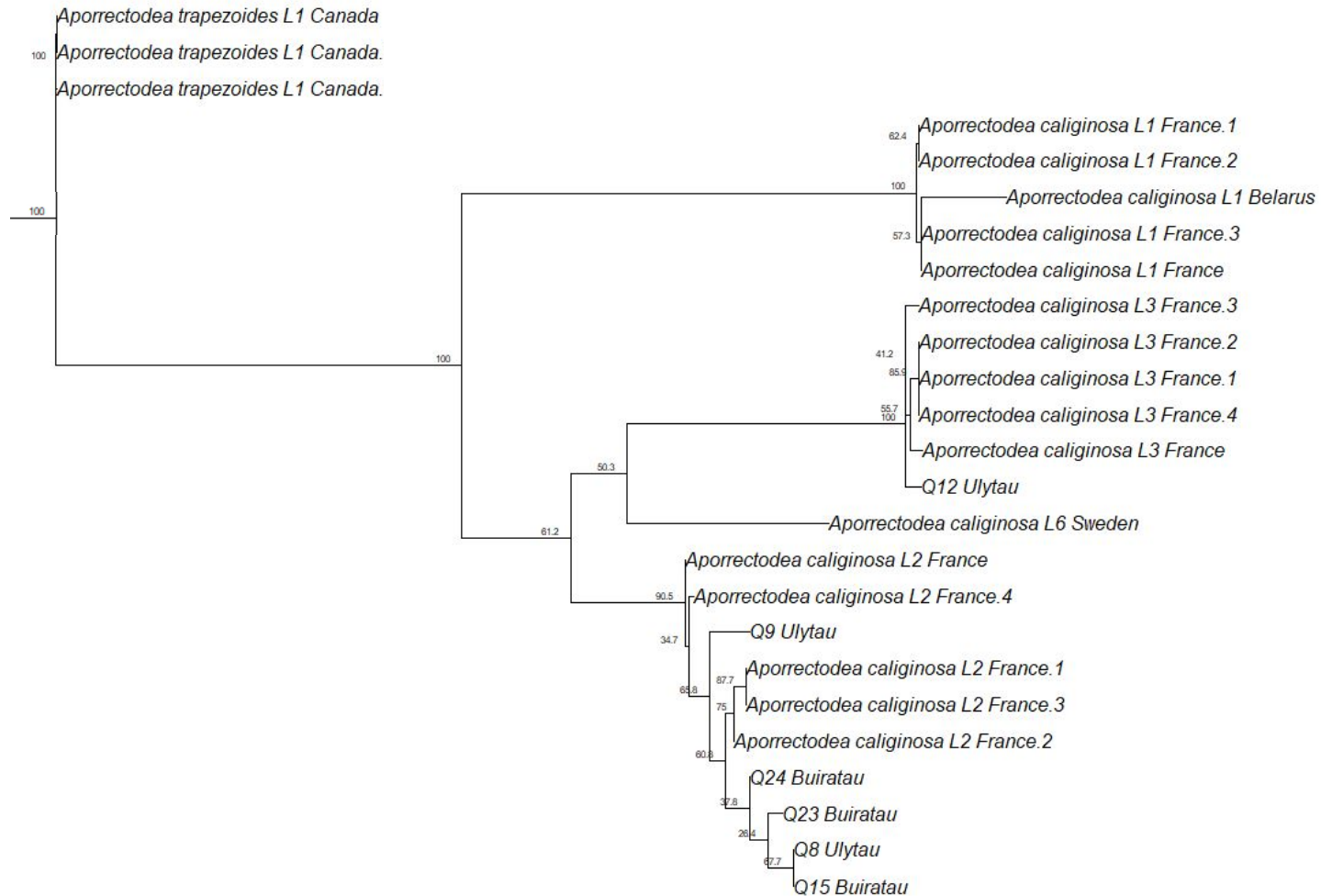
Среда R, с использованием пакетов “sangeranalyseR”, “Biostrings”, “msa”, “ape”, “phangorn”, “dplyr”, “stringr”, “tidyr”.

Референсные последовательности из репозитории в BOLD и GenBank.



При расчёте дистанций позиции с пропусками в любой из пар не учитывались.

Результаты



Дистанции между образцами из Казахстана

значения округлены до 4-го знака

	Q8_Ulytau_L2	Q9_Ulytau_L2	Q12_Ulytau_L3	Q15_Buiratau_L2	Q23_Buiratau_L2	Q24_Buiratau_L2	Q28_SpasskieSopki_L1
Q8_Ulytau_L2	0.0000	0.0169	0.1176	0.0019	0.0076	0.0074	0.1801
Q9_Ulytau_L2	0.0169	0.0000	0.1071	0.0172	0.0248	0.0206	0.1743
Q12_Ulytau_L3	0.1175	0.1071	0.0000	0.1120	0.1098	0.1136	0.1790
Q15_Buiratau_L2	0.0019	0.0172	0.1120	0.0000	0.0077	0.0076	0.1781
Q23_Buiratau_L2	0.0076	0.0248	0.1098	0.0077	0.0000	0.0051	0.1697
Q24_Buiratau_L2	0.0074	0.0206	0.1136	0.0076	0.0051	0.0000	0.1718
Q28_SpasskieSopki_L1	0.1801	0.1743	0.1790	0.1781	0.1697	0.1718	0.0000

Q12_Ulytau	<i>Aporrectodea caliginosa</i> L3_Canada.120	0,00965251	Canada
Q12_Ulytau	<i>Aporrectodea caliginosa</i> L3_Sweden.316	0,00965251	Sweden
Q12_Ulytau	<i>Aporrectodea caliginosa</i> L3_Sweden.341	0,00965251	Sweden
Q12_Ulytau	<i>Aporrectodea caliginosa</i> L3_France	0,00907441	France
Q12_Ulytau	<i>Aporrectodea caliginosa</i> L3_United States	0,008818342	United States
Q12_Ulytau	<i>Aporrectodea caliginosa</i> L3_France.17	0,008818342	France
Q12_Ulytau	<i>Aporrectodea caliginosa</i> L3_Belarus.3	0,001763668	Belarus
Q12_Ulytau	<i>Aporrectodea caliginosa</i> L3_Norway.34	0,001763668	Norway

A. caliginosa L3 близка к референсам из Австралии, Беларуси, Швеции, Норвегии, Франции и Канады.

A. caliginosa L3 (Q12_Ulytau): наиболее высокая доля близких последовательностей обнаружена в Австралии (100%), Беларуси (100%), Швеции (98,5%), Норвегии (76,2%) и США (75%).

A. trapezoides L1 (Q28_SpasskieSopki): близкие последовательности представлены в Австралии (100%), Канаде (75%), Швеции (42,9%) и Норвегии (20%).

A. caliginosa L2: наиболее высокая доля близких последовательностей наблюдается у канадских референсов — до 67,1% для Q23 и 65,3% для Q24; для других стран доля значительно ниже.

Выводы

На исследуемых территориях ЦК у видов и отдельной митохондриальной филогенетической линии не обнаружено.

Образцы из Казахстана представлены широко распространенными линиями.

Полученные данные свидетельствуют о неоднократной интродукции, однако направление и источники интродукций требуют дополнительного исследования.

Спасибо за внимание

Исследование проведено в рамках грантовых проектов AP26199585
Министерства науки и высшего образования Республики Казахстан, №
FFMN-2025-0024, № FWNR-2026-0031