

ГЕНЕТИЧЕСКАЯ СВЯЗЬ ПОПУЛЯЦИЙ ХЕМОСИМБИОТРОФНЫХ ДВУСТВОРЧАТЫХ МОЛЛЮСКОВ *CALYPTOGENA PACIFICA* (VESICOMYIDAE: PLIOCARDIINAE) БЕРИНГОВА МОРЯ И ВОСТОЧНОЙ ЧАСТИ ТИХОГО ОКЕАНА

Белов Д.А., Кременецкая А.В., Крылова Е.М.

Лаборатория донной фауны океана ИО РАН имени П.П.Ширшова (Москва, Россия)

e-mail: belov.da@ocean.ru

1. Введение

Двустворчатый моллюск *Calypptogena pacifica* (Bivalvia, Vesicomidae, Pliocardiinae) обитает в условиях холодных метановых и гидротермальных выходов в северной части Тихого океана. Как и все плиокардиины, этот вид живет в симбиозе с сульфид-окисляющими бактериями, содержащимися в специализированных клетках жабр, и является облигатным для восстановительных условий.

В восточной части Тихого океана *C. pacifica* встречается от пролива Диксон-Энтрэнс, юго-восточный район залива Аляска, до Калифорнийского залива на глубинах от 361 до 2423 м. На западе Тихого океана современные популяции *C. pacifica* были обнаружены в районе вулкана Пийпа на глубинах 470-490 м и на Корякском склоне в Беринговом море в диапазоне глубин от 400 м до 695 м.

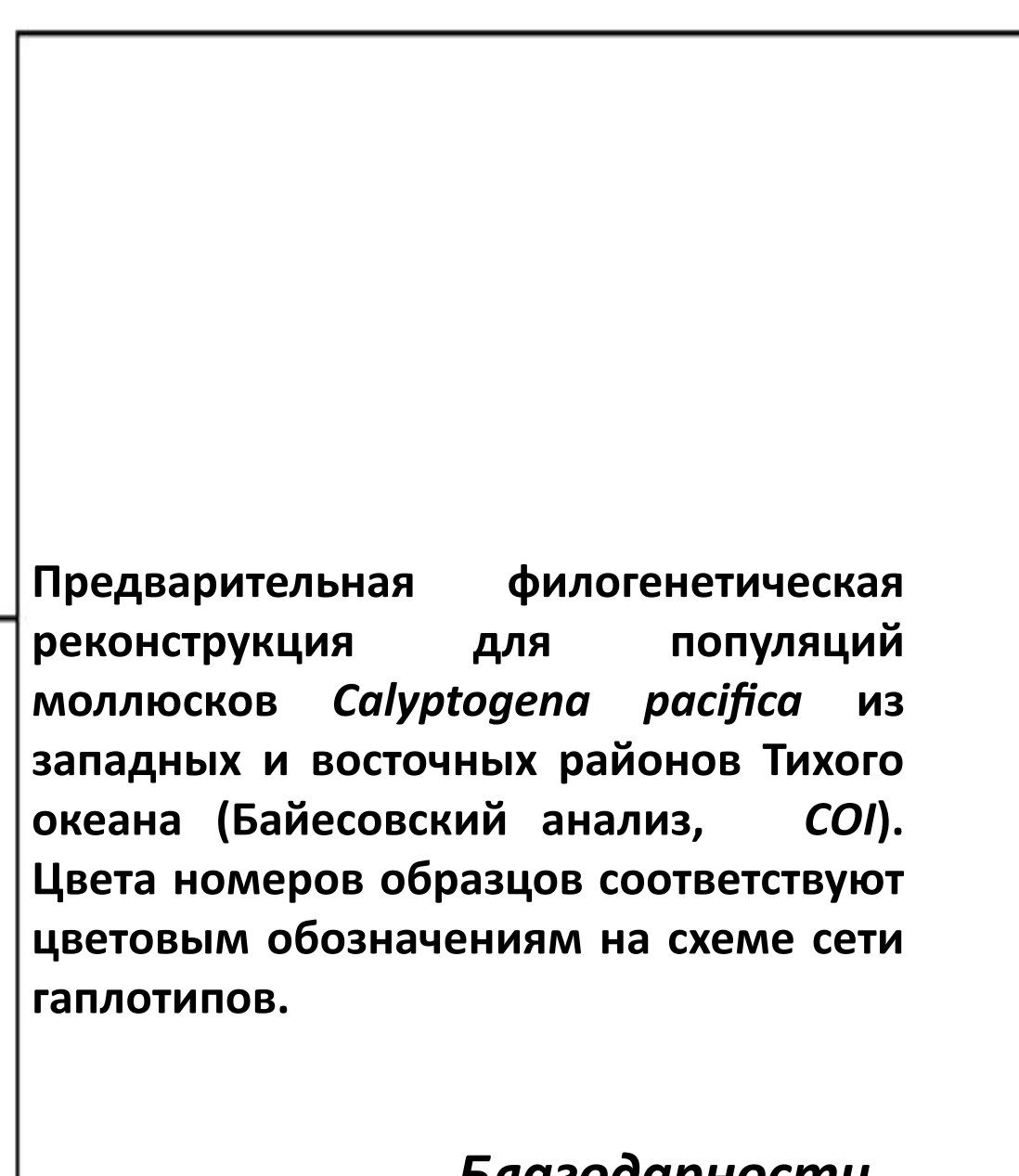
Несмотря на географически широкий ареал, распространение моллюсков имеет фрагментированный, или "островной", характер, при котором локальные популяции обитают на больших расстояниях друг от друга. Информация о генетике локальных популяций необходима для решения таких задач биогеографии, как выявление путей становления фаун восстановительных регионов. В отличие от восточно-тихоокеанских популяций, данные по генетике *C. pacifica* из популяции Корякского склона Берингова моря отсутствуют.

Целью нашего исследования было определить степень генетического сходства популяций Берингова моря и северо-восточного региона Тихого океана.

3. Результаты

Результаты молекулярного анализа подтвердили правильность определения вида моллюсков с Корякского склона как *Calypptogena pacifica* на основе морфологических признаков.

Анализ выявил семь различных гаплотипов, присутствующих на Корякском склоне. Три гаплотипа, из которых два - наиболее массовые, являются общими с популяциями восточного побережья США; четыре гаплотипа - уникальны для Корякского склона.



Благодарности

Авторы благодарят капитана В.Б. Птушкина и всю команду судна "Академик М.А. Лаврентьев", пилотов и техников ТНПА «Команч», научный состав экспедиции за помощь и поддержку во время экспедиции, а также Национальный научный центр морской биологии им. А.В. Жирмунского ДВО РАН (Владивосток) за приглашение участвовать в рейсе.

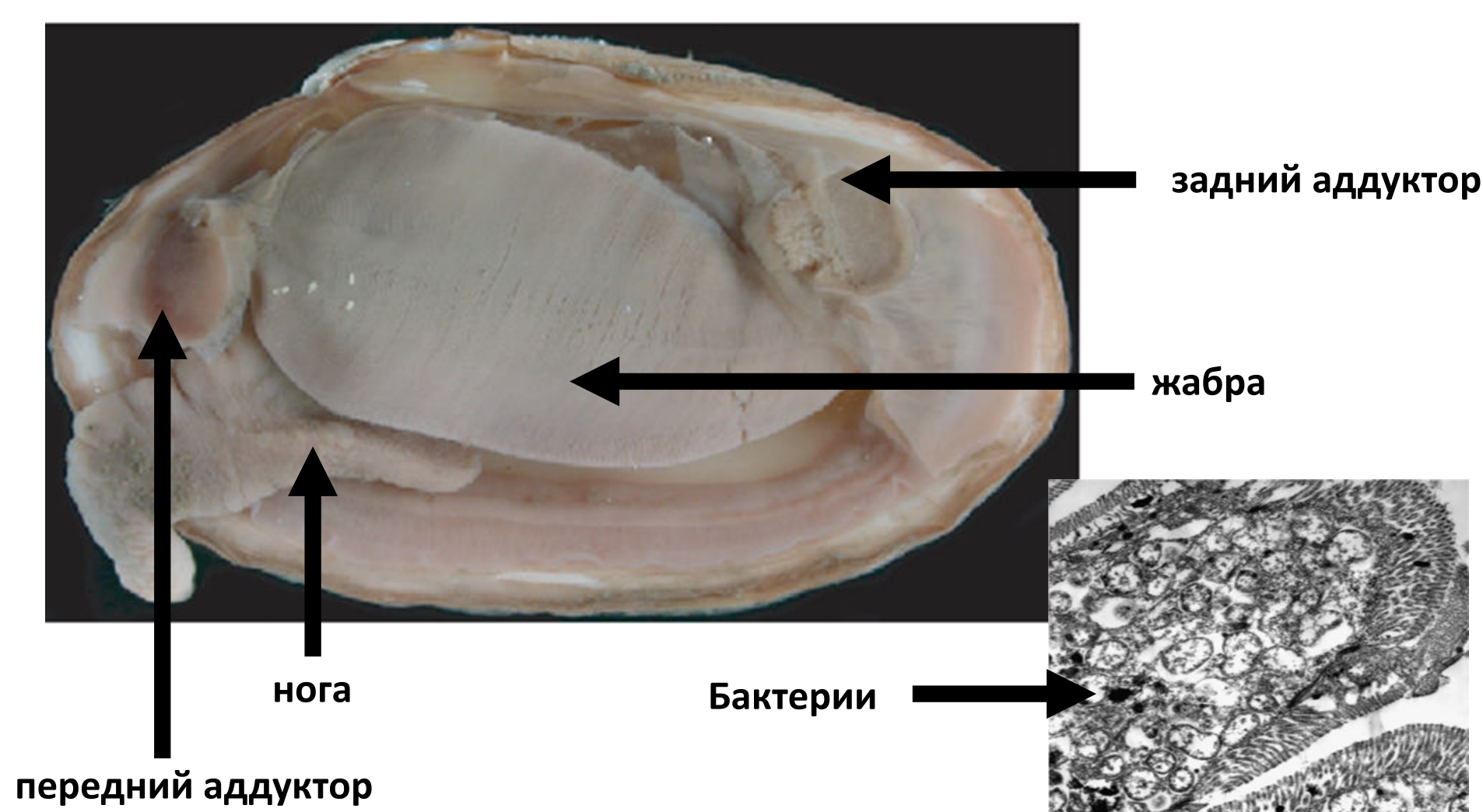
2. Материалы и методы

Моллюски были собраны во время 82-го рейса НИС "Академик М.А. Лаврентьев" (организован ННЦМБ, г.Владивосток) в 2018 году в биотопе метановых выходов, расположенных в диапазоне глубин от 660 до 690 м, с использованием ТНПА Команч – 18 и зафиксированы в холодном 96% этаноле.

Были изучены последовательности субъединицы 1 цитохром с-оксидазы (COI) из 50 экземпляров *C. pacifica*.

Сеть гаплотипов была построена с помощью алгоритма медианного связывания в POPART.

C. pacifica, вид с левой стороны, длина тела 5 см, левая створка убрана.



Клетка жаберного эпителия с бактериями, ТЭМ, Фото А.Л. Дроздова (ННЦМБ)

Поселение калиптоген в районе метановых выходов, видны бактериальные маты.

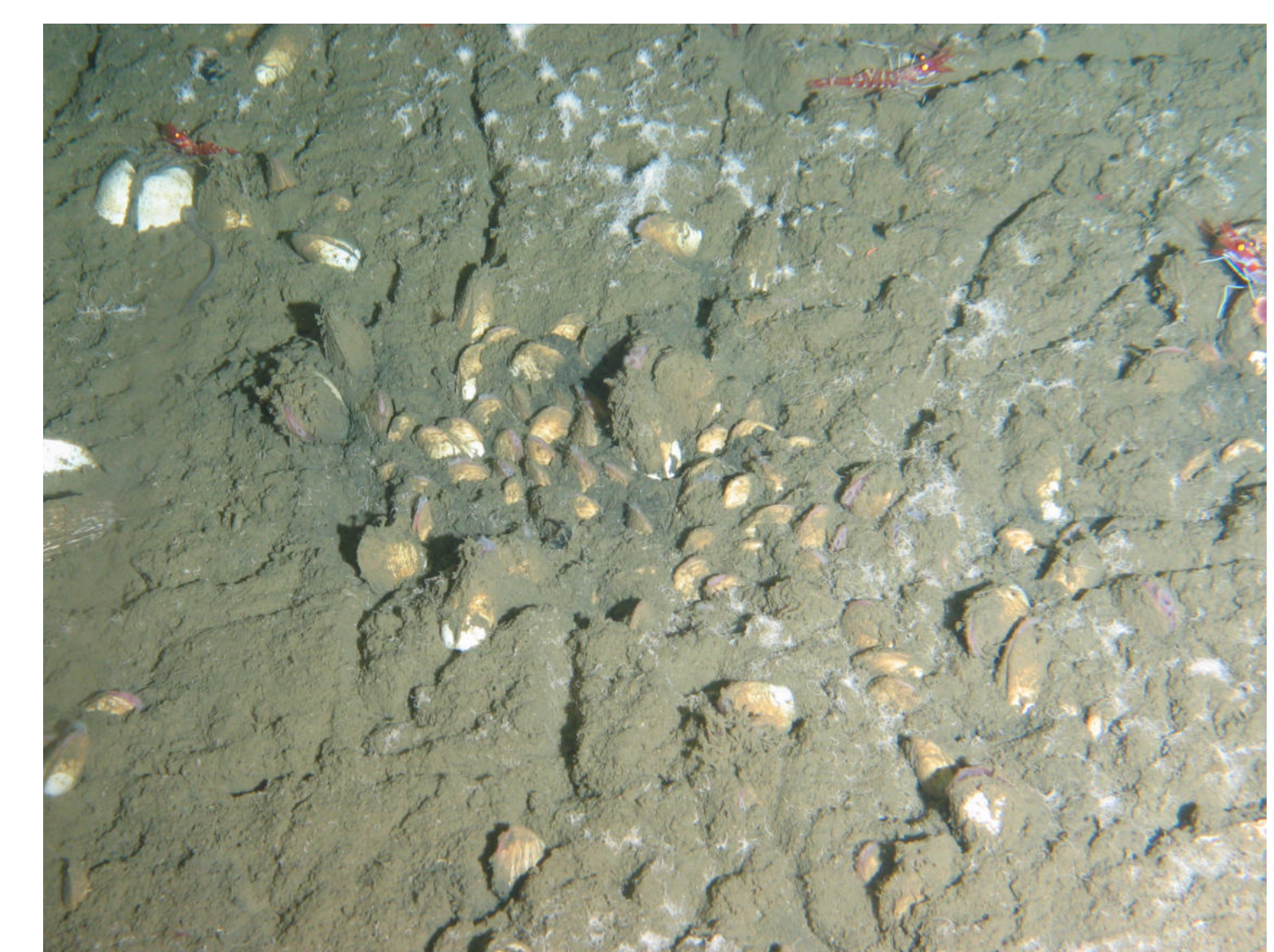
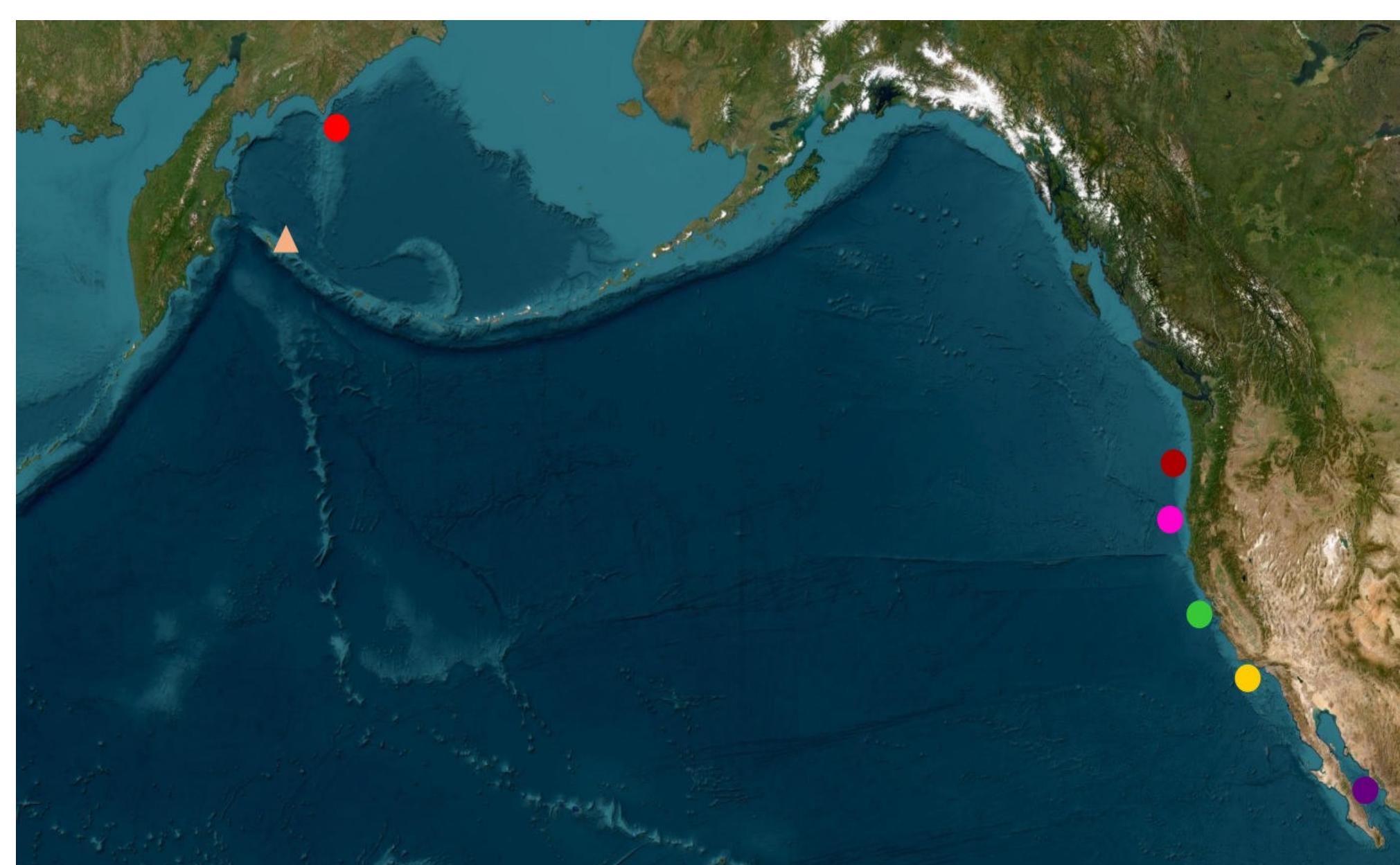
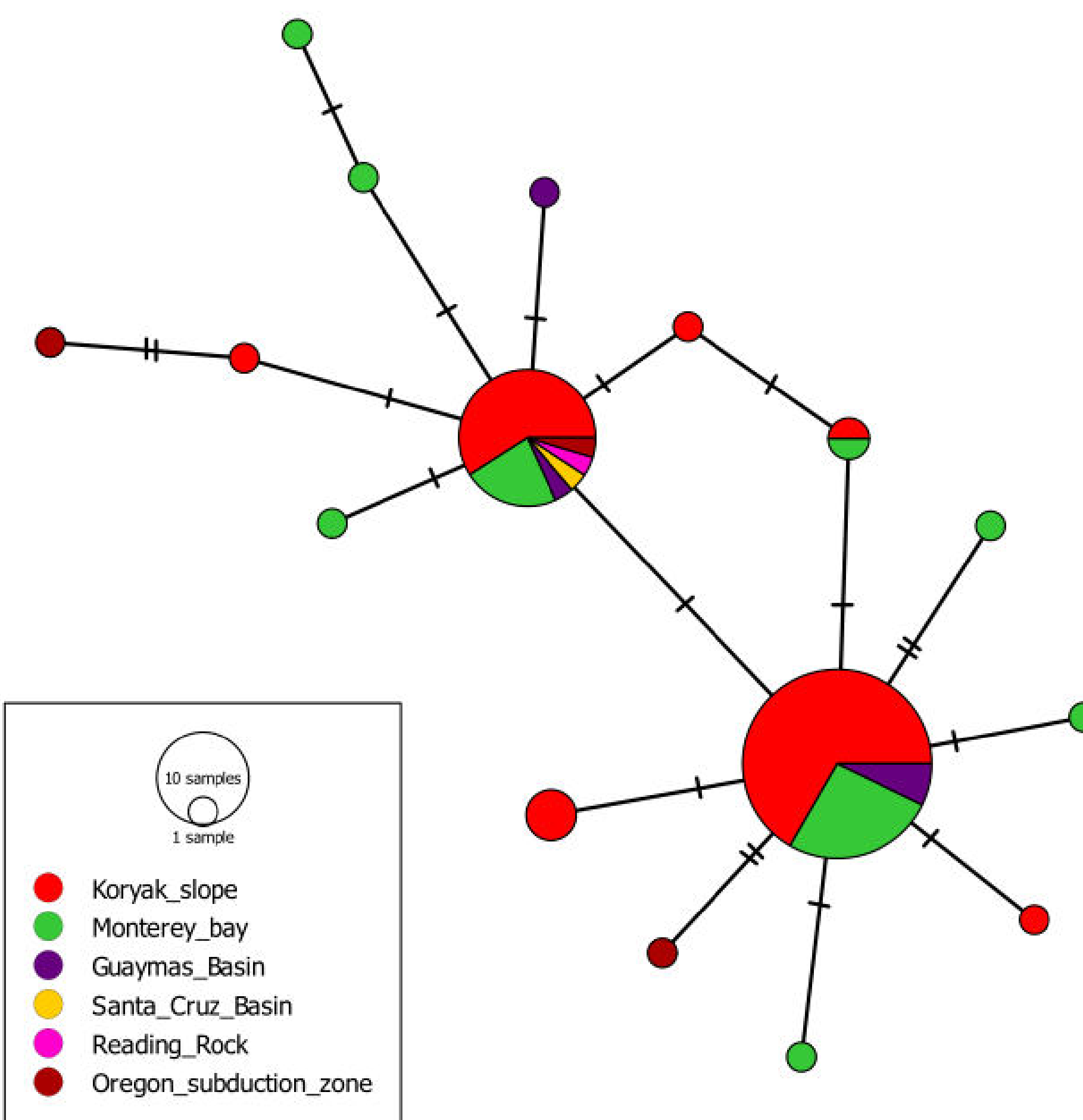


Фото: ННЦМБ, ТНПА «Команч»



Распространение *C. pacifica*; цвета соответствуют обозначениям, используемым для сети гаплотипов; ▲ - популяция на вулкане Пийпа, не участвующая в анализе.

Сеть гаплотипов COI, выявленных у *C. pacifica*; насечки обозначают число замен.



4. Обсуждение

Предварительные данные указывают на высокий уровень генетического сходства популяций Корякского склона и восточной Пацифики.

На Корякском склоне представлены гаплотипы, отмеченные для восточной Пацифики, в том числе, у побережья Орегона, в заливе Монтерей и в бассейне Гуаймас.

Наиболее разнообразными в генетическом плане являются моллюски из залива Монтерей, в котором насчитывается два широко распространенных и более пяти уникальных гаплотипов. Высокое генетическое разнообразие может быть связано с большим разнообразием восстановительных условий залива, включающих холодные метановые выходы, гидротермы и останки китов, а также с широким диапазоном глубин, от 361 м до 959 м, где встречены калиптогены в заливе.

Значительное сходство популяций Корякского склона и восточной Пацифики ставит вопрос о механизмах, обеспечивающих обмен генетическим материалом. Один из возможных вариантов – это существование еще не описанных поселений калиптоген, обитающих на более северных участках склона Берингова моря, которые могли бы связывать западные и восточные популяции. Увеличение числа маркеров, планируемое в исследовании, поможет реконструировать процесс взаимодействия пространственно удаленных популяций во временной шкале.