МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКАЯ СТРУКТУРА, РАСПРОСТРАНЕНИЕ, ТИПЫ ПОПУЛЯЦИОННЫХ СИСТЕМ И ОСОБЕННОСТИ ГАМЕТОГЕНЕЗА ЗЕЛЕНЫХ ЛЯГУШЕК (*PELOPHYLAX ESCULENTUS* КОМПЛЕКС) В БЕЛАРУСИ

Матюшова М.И.[1], Свинин А.О.[2], Скоринов Д.В.[2], Литвинчук С.Н.[2]
[1]Зоологический институт РАН, Санкт-Петербург, Россия
[2]Институт цитологии РАН, Санкт-Петербург, Россия
m.matsiushova@gmail.com

MOLECULAR GENETIC STRUCTURE, DISTRIBUTION, TYPES OF POPULATION SYSTEMS, AND GAMETOGENESIS OF WATER FROGS (*PELOPHYLAX ESCULENTUS* COMPLEX) IN BELARUS

Matsiushova M.I.[1], Svinin A.O.[2], Skorinov D.V.[2], Litvinchuk S.N.[2]
[1]Zoological Institute RAS, St. Petersburg, Russia
[2]Institute of Cytology RAS, St. Petersburg, Russia

В ходе полевых сезонов 2024 и 2025 гг. (июль-август) обследовано 64 локалитета, расположенных в шести областях Беларуси. Идентификация видов проведена с помощью проточной ДНК-цитометрии и мультиплексной ПЦР. Размер генома измерен для 133 особей. Молекулярно-генетические исследования проведены для 253 особей. Для мультиплексной ПЦР в качестве диагностических использовались три молекулярных маркера: COI, ND2 (мтДНК) и SAI-1 (яДНК). Для 84 самцов и 10 самок проанализирован тип гамет (68 и 4 для *P. esculentus*) с помощью проточной ДНК-цитометрии и аллозимного анализа (LDH).

Измерение размера генома у зеленых лягушек подтвердило отсутствие триплоидов (за исключением одной особи) в исследуемых популяционных системах. Его значения были в пределах изменчивости видов (*P. lessonae*, 13,9±0,09 пг; *P. esculentus*, 14,95±0,02 пг; *P. ridibundus*, 15,9±0,01 пг). В бассейне р. Сож (Гомельская область) была выявлена триплоидная особь (23,6 пг) озерной лягушки (вероятно, случай спонтанной аутополиплоидии).

Молекулярно-генетический анализ *P. ridibundus* с исследуемой территории выявил наличие 5 генетических вариантов (мт/яДНК): R/RR (35,6%), R/BR (19,0%), R/BB (5,9%), а также двух генетических вариантов с интрогрессией митохондриона от *P. lessonae* – L/RR (5,1%) и L/BR (2,4%). Изучение генетических особенностей гибридогенной *P. esculentus* (*n* = 73) выявило три генетических варианта: L/RL (28,1%), R/RL (0,4%) и L/BL (0,4%). Интересно отметить низкую встречаемость генов *P.* cf. *bedriagae* у *P. esculentus* (0,4%), несмотря на их высокую встречаемость у *P. ridibundus* (40,1%).

Анализ митохондриальной ДНК выявил доминирование митохондрионов *P. lessonae* у гибридов (98,7%) и примечательное отсутствие митохондрионов *P.* cf. *bedriagae* у всех таксонов зеленых лягушек при высокой встречаемости генов яДНК (SAI) этого вида. Дополнительный анализ ND2 обнаружил, что 93,9% митохондрионов *P. ridibundus* относятся к балканской озерной лягушке, *P. kurtmuelleri*, тогда как только 6,1% митохондрионов принадлежали центрально-европейской *P. ridibundus*. В Беларуси распространение озерных лягушек с интрогрессиями ограничено бассейном реки Неман и они были отмечены нами в 8 местообитаниях (15,7% от местообитаний, в которых найдена *P. ridibundus*), в том числе в чистых популяциях озерной лягушки R-типа.

Родительские виды продуцировали характерный для них тип гамет и не имели аномалий гаметогенеза. Обнаружено, что самки и самцы гибридов продуцируют только гаметы с геномом *P. ridibundus*.

Популяционные системы в Белорусском Полесье представлены преимущественно чистыми популяциями озерной лягушки (R-тип; 45,3%), смешанными системами REL-, LE- и RE-типов в равных долях (17,2%) и реже всего чистыми популяциями прудовой лягушки (L-тип; 3,1%).

Исследование выполнено при поддержке гранта РНФ № 26-14-00226.