

ГИПОТЕЗА ЭКОЛОГИЧЕСКОГО ВИДООБРАЗОВАНИЯ И ОСОБЕННОСТИ РАСПРЕДЕЛЕНИЯ ГЕНЕТИЧЕСКОГО РАЗНООБРАЗИЯ У ПРЕДСТАВИТЕЛЕЙ РОДА *TAKYDROMUS*

И.Н. Шереметьева

ФНЦ биоразнообразия наземной биоты Восточной Азии ДВО РАН,
пр-т 100-летия Владивостока, 159, г.Владивосток, 690022,
e-mail: sheremet76@yandex.ru, <https://orcid.org/0000-0003-3464-9009>

Получены данные подтверждающие гипотезу экологического видообразования у ящериц рода *Takydromus*. Результаты указывают на ключевую роль эволюции лесных биомов в формирование разнообразия долгохвосток. Распределение генетического разнообразия у видов рода показывает, что лесные виды имеют меньший уровень изменчивости по сравнению с луговыми видами. Острова Японского архипелага являются рефугиумами, сыгравшими важную роль в поддержании генетического разнообразия у лесных видов рода.

Ключевые слова: видообразование, генетическое разнообразие, род *Takydromus*.

HYPOTHESIS OF ECOLOGICAL SPECIATION AND FEATURES OF GENETIC DIVERSITY DISTRIBUTION IN SPECIES OF THE GENUS *TAKYDROMUS*

I.N. Sheremetyeva

Data have been obtained that support the hypothesis of ecological speciation in lizards of the genus *Takydromus*. The results indicate a key role for forest biome evolution in shaping the diversity of *Takydromus* lizards. The distribution of genetic diversity among the species of the genus shows that forest species have a lower level of variability compared to grassland species. The Japanese archipelago islands serve as refugia, which played an important role in maintaining genetic diversity in forest species of the genus.

Keywords: speciation, genetic diversity, genus *Takydromus*.

Закономерности распределения биоразнообразия наблюдаемого в настоящее время являются результатом действия трех составляющих: видообразования, изменения ареалов видов и их вымирания. Среди этих составляющих только видообразование является единственным процессом, который порождает «новое» разнообразие. В связи с этим понимание его механизмов имеет ключевое значение для понимания динамики и закономерностей формирования биоразнообразия. А в свою очередь, закономерности биоразнообразия могут дать важные сведения о лежащих в их основе процессах, включая и видообразование.

Удобным модельным объектом для изучения видообразования, с одной стороны, и формирования биоразнообразия, с другой, оказались долгохвостки – азиатские травяные ящерицы рода *Takydromus*. Это широко распространенная в

Восточной и Юго-Восточной Азии группа, для которой в настоящее время известно 25 видов. Ареал рода охватывает территорию от северо-востока Индии и островов Индонезии (Борнео, Суматра, Банги и Ява) на юге и до южных районов Дальнего Востока России на севере, включая острова вдоль тихоокеанского побережья восточноазиатского континента (о. Тайвань, архипелаг Японский и острова Рюкю). Представители род населяют разные местообитания (открытые и лесные), при этом имеются пары видов с симпатричны обитанием: *Takydromus septentrionalis* и *Takydromus sexlineatus* на юго-востоке, *Takydromus intermedius* и *T. septentrionalis* на юго-западе, *Takydromus kuehnei* и *T. sexlineatus* на юге и *T. septentrionalis* и *Takydromus wolteri* на востоке Китая [2– 5, 8, 9]. Также симпатрия известна и для *Takydromus amurensis* и *T. wolteri* обитающих на северо-востоке Китая, Корейском п-ове и юге Дальнего Востока России [1, 6].

Цель исследования – проверить гипотезу экологического видообразования и оценить особенности распределения генетического разнообразия как составной части биоразнообразия. Для этого нами была построена сеть гаплотипов в программе Network 10 методом «median joining» с использованием 423 нуклеотидные последовательности гена цитохром *b* мтДНК 18 видов ящериц рода *Takydromus*, полученные другими авторами и хранящиеся в базе данных Genbank/NCBI. А так же рассчитаны показатели нуклеотидного разнообразия и попарных генетических дистанций в программе DnaSP 6.00.

В результате впервые для рода *Takydromus* по данным изменчивости нуклеотидных последовательностей фрагмента гена цитохрома *b* мтДНК построена сеть гаплотипов, которая поддержала разделение видов рода на две экологические формы (таблица) лесные (F) и луговые (G), что свидетельствует в пользу экологического видообразования [7]. Дополнительно нами были рассчитаны попарные генетические дистанции для исследованных видов, которые варьировали от и до 6,9 до 20,3 %. При этом средние попарные дистанции между лесными видами были 15,6 %, а между луговыми 12,8%, что достоверно (коэффициент Краскела-Уоллиса: $H=41,99150$ $p=0,0000$) ниже, чем как в среднем между лесными, с одной стороны, и луговыми с другой (17,7%), так и для отдельных пар луговых и лесных видов с симпатрическим обитанием (для пары *T. amurensis* – *T. wolteri* и *T. kuehnei* – *T. sexlineatus*, 15,8 и 15,7 %% соответственно). Таким образом, рассчитанные попарные генетические дистанции между видами так же подтверждают более низкий поток генов и более раннее разделение между видами разных экологических форм, что указывает на экологического видообразования. Полученные нами результаты о ключевой роли экологического видообразование в процессе диверсификации рода *Takydromus* дополнительно были подтверждены исследованиями на митохондриальных данных [10].

Проведенный анализ распределения в пространстве генетического разнообразия у видов рода *Takydromus* показал, что лесные виды в среднем имеют меньший уровень изменчивости (на материковой части ареала) по сравнению с луговыми, но больший уровень подразделенности между собой. При этом эта тен-

Распространение, филогенетические группы и показатели генетического разнообразия для видов рода *Takydromus*

Table

Distribution, phylogenetic groups, and genetic diversity indices for species of the genus *Takydromus*

Вид	$\pi \pm S.D.$	Филогруппа	Ареал по https://www.lacerta.de
<i>T. amurensis</i> (n=34)	0.0091±0.0009	Fn	Юг ДВ России, северо-восток Китая, п-ов Корея, о. Цусима
<i>T. intermedius</i> (n=5)	0.0087±0.0032	Fn	Китай, провинции Юньнань, Сычуань, Гуйчжоу, Гуанси и Хунань
<i>T. sylvaticus</i> (n=2)	0.0000±0.0000	Fn	Китай, провинция Фуцзянь и Аньхой
<i>T. yunkaiensis</i> (n=2)	0.0019±0.0009	Fn	Китай, провинция Гуандун, национальный природный заповедник Юнькайшань
<i>T. kuehnei</i> (n=8)	0.0338±0.0059	Fs	Юг Китая, Вьетнам и о. Тайвань
<i>T. sauteri</i> (n=3)	0.0419±0.0180	Fn	Острова Тайвань и Ланьюй
<i>T. dorsalis</i> (n=3)	0.0126±0.0039	Fn	Острова Яэяма
<i>T. smaragdinus</i> (n=4)	0.0076±0.0026	Fn	Острова Рюкю, группы Токара, Амами и Окинава
<i>T. tachydromoides</i> (n=34)	0.0435±0.0039	Fn	Острова Японского архипелага
<i>T. wolteri</i> (n=21)	0.0142±0.0075	Gn	Юг ДВ России, северо-восток Китая, п-ов Корея, о. Чеджудо
<i>T. sexlineatus</i> (n=9)	0.0500±0.0205	Gs	Юг Китая, Лаос, Камбоджи, Бирма, Вьетнам, штат Ассам Индия, Таиланд, п-ов Малайский, острова Ява, Суматра и Калимантан
<i>T. formosanus</i> (n=14)	0.0138±0.0009	Gn	О. Тайвань
<i>T. luyeanus</i> (n=18)	0.0084±0.0009	Gn	О. Тайвань
<i>T. viridipunctatus</i> (n=14)	0.0207±0.0016	Gn	О. Тайвань
<i>T. hsuehshanensis</i> (n=5)	0.0049±0.0013	Gn	О. Тайвань
<i>T. stejnegeri</i> (n=2)	0.0208±0.0104	Gn	О. Тайвань и Пескадорские острова,
<i>T. septentrionalis</i> (n=260)	0.0406±0.0012	Базальный	Материковая и островная часть центрального Китая

денция нарушается для видов рода обитающих на островах. Полученные нами данные показывают, что нуклеотидное разнообразие у лесных видов на островах в 4.2 раза выше, чем на материке, 0.0456 и 0.0107, соответственно. Тогда как для луговых видов на островах оно снижается более чем в 2 раза

Таким образом, полученные результаты указывают что: 1. род *Takydromus* может рассматриваться как пример экологического видообразования; 2. ключевую роль в процессе диверсификации рода *Takydromus* сыграла эволюция лесных биомов; 3. острова Японского архипелага и остров Тайвань являются рефугиумами, сыгравшими важную роль в поддержании и сохранения генетического и видового разнообразия у лесных видов рода *Takydromus*.

ЛИТЕРАТУРА:

1. Семенищева Е.Ю. Маслова И.В. О распространении ящериц рода *Takydromus* в южных районах российского Дальнего Востока // Казанская наука. 2010. Т. 8, № 1. С. 54–59.

2. Bobrov V. A new species of grass lizard (Reptilia, Sauria, Lacertidae, Takydromus) from southern Vietnam // *Curr. Stud. Herpetol.* 2013. V. 13. P. 97–100.
3. Chou W.H., Truong N.Q., Pauwels O.S.G. A new species of Takydromus (Reptilia: Lacertidae) from Vietnam // *Herpetologica.* 2001. V. 57. P. 497–508.
4. Guo K., Hu Y.H., Chen J., Zhong J., Ji, X. A new species of the genus Takydromus (Squamata: Lacertidae) from Northeastern Guangxi // *China. Animals.* 2024. V. 14. P. 1402. DOI: 10.3390/ani14101402.
5. Liu J. New discovery of sauropterygian from Triassic of Guizhou, China // *Chinese Science Bulletin.* 1999. V. 44. P. 1312–1315. DOI:10.1007/BF02885852.
6. Semenishcheva E. Yu., Han S.H., Maslova I.V. Analysis of biotopical distribution peculiarities of two lizard species of genus Takydromus inhabiting the north-eastern Asia (Far East of Russia, Republic of Korea). 8th World Congress of Herpetology: Abstracts. 2016. P. 178.
7. Sheremetyeva I.N., Popova A.A. Evolution of East Asian Forest Kingdom Has Increased the Number of Asian Grass Lizard (Takydromus) Species // *Biology Bulletin*, 2025, V. 52, P. 188. DOI: 10.1134/S1062359024612291.
8. Wang J., Lyu Z.T., Yang C.Y., Li Y.L., Wang Y.Y. A new species of the genus Takydromus (Squamata, Lacertidae) from southwestern Guangdong, China // *ZooKeys.* 2019. V. 871. P. 119–139. DOI: 10.3897/zookeys.871.35947.
9. Wang Y.Y., Gong S.P., Liu P., Wang X. A new species of the genus Takydromus (Squamata: Lacertidae) from Tianjingshan forestry station, northern Guangdong China // *Zootaxa.* 2017. V. 4338. P. 441–458. DOI: 10.11646/zootaxa.4338.3.2.
10. Yu, J., Chen, M., Shang, B., Yi, D., Wu, W., Liu, J. Decoding the Mitogenome of Takydromus intermedius: Insights into the Comparative Mitogenomics and Phylogenetic Relationships of Takydromus Lizards // *Diversity.* 2025. V. 17. P. 813. DOI: 10.3390/d17120813.