

**Сложный жизненный цикл трематод: филостратиграфический анализ  
молекулярных подписей стадий**

**Научный руководитель – Старунов Виктор Вячеславович**

**Нестеренко Максим Алексеевич**

*Аспирант*

Санкт-Петербургский государственный университет, Биологический факультет,  
Санкт-Петербург, Россия

*E-mail: maxnest.research@gmail.com*

Сложный жизненный цикл трематод характеризуется чередованием партеногенетических и амфимиктических поколений, каждое из которых обладает специфическим онтогенезом [2]. Молекулярной основой для функционирования, различающихся по морфологии, физиологии, поведению и экологии стадий, является активация уникальных наборов генов общего для всех стадий генома. Ранее нами было показано, что в состав таких наборов, названных «молекулярными подписями» стадий, входят гены, активные как на нескольких стадиях цикла, так и характеризующиеся стадия-специфичной экспрессией [3]. В настоящем исследовании был проведен анализ активности генов в контексте молекулярных подписей, что позволило определить списки наиболее значимых биологических процессов для разных стадий жизненных циклов у редиоидных (*Fasciola gigantica*, *F. hepatica*, *Psilotrema simillimum*) и спороцистоидных (*Schistosoma mansoni*, *Trichobilharzia regenti*, *T. szidati*) видов трематод.

Принимая во внимание наличие общих генов у стадий в рамках отдельно взятого цикла, важным представляется исследование эволюционного происхождения молекулярных подписей стадий. Одним из наиболее перспективных подходов для определения эволюционных преобразований в геномах является «филостратиграфия» [1], позволяющая установить филогенетическое происхождение разных групп генов. Наши результаты показывают, что при формировании молекулярных подписей стадий происходит изменение активности генов, возникших на разных этапах эволюции от одноклеточных организмов и до обособления конкретных видов. Сложный филостратиграфический состав имеют и обнаруженные кластеры ко-экспрессирующихся генов.

Сравнительный анализ отдельных стадий выявил, что филогенетически более молодые наборы генов используются метацеркарией и ювенильными стадиями Fasciolidae, маритой *P. simillimum*, а также шистосомулами Schistosomatidae. Мы предполагаем, что «молодость» перечисленных стадий обусловлена адаптациями амфимиктического поколения к обитанию в окончательных хозяевах. Выявленные различия между стадиями по вкладу разных филострат в молекулярные подписи могут быть рассмотрены в контексте эволюции жизненного цикла трематод, как одно из направлений снижения «связи» между стадиями.

**Источники и литература**

- 1) Domazet-Lošo T., Brajković J., Tautz D. A phylostratigraphy approach to uncover the genomic history of major adaptations in metazoan lineages // Trends in Genetics. 2007. Т. 23. №. 11. С. 533-539
- 2) Galaktionov K. V., Dobrovolskij A. The biology and evolution of trematodes: an essay on the biology, morphology, life cycles, transmissions, and evolution of digenetic trematodes // Springer Science & Business Media. 2013

- 3) Nesterenko M. A. et al. Molecular signatures of the rediae, cercariae and adult stages in the complex life cycles of parasitic flatworms (Digenea: Psilostomatidae) // *Parasites & Vectors*. 2020. T. 13. №. 1. С. 1-21