

## Трематоды *Hemiurus leviseni* (Digenea, Hemiuridae) в морях Севера и Востока России.

Научный руководитель – Крупенко Дарья Юрьевна

*Гублер Арсений Глебович*

*Студент (магистр)*

Санкт-Петербургский государственный университет, Биологический факультет,

Санкт-Петербург, Россия

*E-mail: gubler.ag@gmail.com*

Современные молекулярные методы позволяют по-новому подойти к решению вопросов филогеографии, в частности, трансарктических миграций. Подобных данных по паразитическим организмам до сих пор достаточно мало. Исследование расселения паразитов представляет особый интерес для экологии и биогеографии, поскольку паразиты могут быть использованы как системный индикатор для сообществ живых организмов, особенно если в реализацию их жизненного цикла вовлечены несколько хозяев.

*Hemiurus leviseni* — космополитический вид трематод семейства Hemiuridae (Digenea). Жизненный цикл этого паразита включает чередование партеногенетических и гермафродитного поколения, а также смену трех хозяев. Партениты развиваются и размножаются в первом промежуточном хозяине — гастроподe *Cylichna alba*. Личинки гермафродитного поколения, церкарии, заражают второго промежуточного хозяина — планктонных copepod. Мариты *H. leviseni* паразитируют в желудке у более сотни видов костных рыб. Сложный жизненный цикл, низкая специфичность по отношению к окончательному хозяину и широкое географическое распространение делают этот вид интересным модельным объектом для изучения миграционных процессов у паразитов.

Цель нашего исследования — предложить сценарий распространения вида *Hemiurus leviseni* в морях Севера и Востока России. Для реализации этой цели были поставлены следующие задачи: во-первых, уточнить видовой статус *Hemiurus leviseni* с использованием консервативных и вариабельных генетических маркеров 28S рДНК, ITS2, *cox1* и *nadh1* мтДНК; во-вторых, охарактеризовать внутривидовую изменчивость *Hemiurus leviseni*, используя вариабельные генетические маркеры *cox1* и *nadh1*; в-третьих, реконструировать филогеографические связи между популяциями *Hemiurus leviseni*.

В настоящий момент нами были получены последовательности ITS2 и фрагмента 28S рДНК от трех образцов с Белого и Баренцева морей, а также последовательности фрагмента гена *cox1* от десяти образцов с Белого, Баренцевого, Печорского, Восточно-Сибирского, Охотского и Японского морей. Последовательности генетических маркеров 28S и ITS2 оказались идентичными, а для гена цитохромоксидазы отличия составляют от одной до пятнадцати однонуклеотидных замен. Таким образом, первые данные свидетельствуют о единстве вида на широком географическом ареале. Выявлен внутривидовой полиморфизм по гену *cox1*. Получив новые молекулярные данные для большего количества образцов по *cox1* и *nadh1*, мы сможем сделать первые выводы о трансарктических миграциях *H. leviseni*.

Работа выполнена при поддержке гранта РНФ 23-24-00376 и с использованием оборудования НП СПбГУ, ресурсного центра «Развитие молекулярных и клеточных технологий».