

**Фауна и филогения ставромедуз семейства Haliclystidae (Cnidaria: Staurozoa)****Научный руководитель – Хабибулина Валерия Руслановна***Домрачева М.М.<sup>1</sup>, Хабибулина В.Р.<sup>2</sup>*

1 - Санкт-Петербургский государственный университет, Биологический факультет, Санкт-Петербург, Россия, *E-mail: m.domracheva2000@yandex.ru*; 2 - Санкт-Петербургский государственный университет, Биологический факультет, Санкт-Петербург, Россия, *E-mail: khabvaleriya@yandex.ru*

Staurozoa – это уникальная группа сидячих медуз, насчитывающая около 50 видов. За последние десятилетия система ставромедуз была значительно пересмотрена, однако филогенетические отношения внутри группы остаются малоисследованными. Основной проблемой таксономии ставромедуз является ограниченный набор применимых для идентификации морфологических признаков. В современных исследованиях эта трудность компенсируется применением интегративного подхода, сочетающего морфологический и молекулярно-генетический анализ. Однако в системе ставромедуз остается множество неопределенностей, которые, в первую очередь, относятся к видам, описанным без использования молекулярно-генетического подхода. Самым проблематичным в этом отношении является семейство Haliclystidae, насчитывающее 23 вида. Целью данной работы стало изучение разнообразия и филогении представителей семейства Haliclystidae, населяющих моря России, с использованием интегративного подхода.

Образцы ставромедуз были собраны в Белом, Баренцевом, Охотском и Японском морях и в северо-западной части Тихого океана. Для идентификации видов использовались традиционные морфологические признаки. Для молекулярно-филогенетического анализа были использованы генетические маркеры COI, 16S, 28S и ITS.

В результате морфологического анализа были идентифицированы три вида из рода *Haliclystus*: *H. auricula*, *H. borealis* и *H. tenuis*. Для двух последних видов были описаны новые местообитания. Один экземпляр из Охотского моря, принадлежащий к роду *Haliclystus*, по морфологическим характеристикам не совпадает с ранее описанными видами и, по-видимому, является представителем нового вида. Также были идентифицированы два вида из рода *Manania*: *M. uchidai* и *M. distincta*. Находки этих видов считаются крайне редкими и ценными для филогении ставромедуз.

Результаты молекулярно-филогенетического анализа подтвердили валидность видовой идентификации образцов, а также поддержали гипотезу о том, что экземпляр *Haliclystus* sp. из Охотского моря является представителем нового вида. В рамках этой работы также были впервые получены молекулярные данные для представителей *M. distincta*, а также последовательности гена COI для образцов *H. borealis* и *M. uchidai*.

Результаты этой работы отчасти противоречат данным о фауне ставромедуз морей России, встречающихся в атласах и определителях, что может быть связано с неточностями в идентификации отмеченных ранее видов. Дальнейшие исследования позволят обновить актуальную информацию о распространении сидячих медуз рода Haliclystidae, а также разработать более удобный протокол для видовой идентификации.

Мы выражаем благодарность нашим коллегам за помощь в сборе материала: Екимовой И. А., Гришиной Д. Ю., Ворцепневой Е. В., Туманову Д. В., Лянгузовой А. Д. и Кремневу Г. А. Также мы благодарим сотрудников ММБИ РАН и УНБ «Беломорская» СПбГУ за предоставленную возможность сбора материала. Работа выполнена в РЦ «Культивирование микроорганизмов» и «Развитие молекулярных и клеточных технологий» СПбГУ.