

Биогеография трематод *Hemiurus levinseni* и *Brachyphallus crenatus* (Digenea, Hemiuridae).

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 морские экосистемы Арктики формировались во время голоцена и верхнего плейстоцена под влиянием многочисленных оледенений, межледниковий, открытий и закрытий Берингова пролива. Так нарушались и возобновлялись миграционные пути между акваториями северной Пацифики, северной Атлантики и Арктики. Считается, что такая прерывистая географическая изоляция приводила к аллопатрическому видообразованию, о чем свидетельствует феномен систем видов-двойников в амфибореальной фауне. В этом свете особый интерес представляет исследование распространения паразитов с гетероксенными жизненными циклами.

Hemiurus levinseni и *Brachyphallus crenatus* – это трематоды семейства Hemiuridae, обладающие сходным жизненным циклом и циркумполярным распространением. Они были выбраны нами как перспективная модель для изучения трансарктических миграционных процессов у паразитов. Партениты этих видов развиваются в брюхоногих моллюсках (Cephalaspidea), в качестве их второго промежуточного хозяина выступают планктонные копеподы. Круг окончательных хозяев очень широк и включает более ста видов морских рыб.

Цель нашего исследования – изучить особенности распространения трематод *H. levinseni* и *B. crenatus* в северной Пацифике и Арктике. Для достижения этой цели нами были поставлены следующие задачи: (1) уточнить видовой статус *H. levinseni* и *B. crenatus*; (2) исследовать внутривидовое генетическое разнообразие *H. levinseni* и *B. crenatus*; (3) описать генетические различия между популяциями внутри видов *H. levinseni* и *B. crenatus*.

Материал был собран в 2020–2024 гг. в восьми географических точках: Белом, Баренцевом, Печорском, Восточно-Сибирском, Беринговом, Охотском, Японском морях, а также в северо-западной части Тихого Океана в районе Курильских островов.

Нами получены последовательности фрагментов митохондриальных генов *nad1* (78 изолятов) и *cox1* (68 изолятов) для вида *H. levinseni*. Выявлено 20 гаплотипов по *nad1* и 44 по *cox1*. Полученные данные свидетельствуют о единстве вида *H. levinseni* на всей исследованной территории. Более того, не выявлены географически или гостально специфические гаплогруппы внутри этого вида. В дальнейшем мы планируем получить сопоставимое количество данных для вида *B. crenatus*, что позволит провести сравнительный анализ распространения *H. levinseni* и *B. crenatus* в Арктике и смежных бореальных акваториях.

Работа выполнена с использованием оборудования НП СПбГУ, ресурсного центра «Развитие молекулярных и клеточных технологий».