

ФЕДЕРАЛЬНОЕ АГЕНТСТВО ПО РЫБОЛОВСТВУ

**ФЕДЕРАЛЬНОЕ ГОСУДАРСТВЕННОЕ БЮДЖЕТНОЕ НАУЧНОЕ УЧРЕЖДЕНИЕ
«ВСЕРОССИЙСКИЙ НАУЧНО-ИССЛЕДОВАТЕЛЬСКИЙ ИНСТИТУТ
РЫБНОГО ХОЗЯЙСТВА И ОКЕАНОГРАФИИ»**

Полярный филиал ФГБНУ «ВНИРО» («ПИНРО» им. Н.М. Книповича)



Лососевые рыбы: биология, воспроизводство, промысел

**Материалы всероссийской
научно-практической конференции**

(г. Мурманск, 23-24 марта 2023 г.)

**Мурманск
2023**

УДК 597
Л 79

Л 79 **Лососевые рыбы:** биология, воспроизводство, промысел: материалы всероссийской научно-практической конференции (г. Мурманск, 23-24 марта 2023 г.) / Полярный филиал ФГБНУ «ВНИРО» («ПИНРО» им. Н.М. Книповича); научный редактор К.М. Соколов. – Мурманск: ПИНРО им. Н.М. Книповича, 2023. – 524 с.

ISBN 978-5-86349-288-9

Сборник подготовлен по материалам всероссийской конференции ученых и специалистов «Лососевые рыбы: биология, воспроизводство, промысел». Организатор конференции – Полярный филиал ФГБНУ «ВНИРО» («ПИНРО» им. Н.М. Книповича).

Мероприятие посвящено 120-летию с начала исследований атлантического лосося на Кольском полуострове.

В книге представлены результаты работ по следующим направлениям: биология лососевых рек; история исследований; современное состояние популяций анадромных рыб; естественное и искусственное воспроизводство; аквакультура, проблемы и перспективы; паразиты и болезни рыб; биохимия и физиология; распределение и миграции; сохранение видов и их охрана; антропогенное влияние на популяции лососевых рыб; промысел анадромных рыб в различных регионах России; любительское рыболовство.

Издание предназначено для специалистов, интересующихся различными аспектами решения проблем биологии, распределения и промысла лососевых рыб России, присущих современному отечественному рыбному хозяйству.

Научный редактор канд. биол. наук К.М. Соколов

Редакционная коллегия:

*М.Ю. Алексеев, канд. биол. наук, А.В. Зубченко, д-р биол. наук,
Т.А. Карасева, канд. биол. наук, Л.И. Пестрикова, канд. биол. наук, А.В. Ткаченко*

ISBN 978-5-86349-288-9

© «ПИНРО» им. Н.М. Книповича, 2023

ВИДОВОЕ РАЗНООБРАЗИЕ ЦЕСТОД РОДА *PROTEOCEPHALUS* WEINLAND, 1858 – ПАРАЗИТОВ ЛОСОСЕВЫХ РЫБ СИБИРИ И ДАЛЬНЕГО ВОСТОКА

П.Г. Власенко^{1,4}, Г.В. Изотова^{1,2}, Е.Н. Кашинская^{1,4},
А.В. Шокурова^{1,2}, Г.Н. Маркевич³, М.М. Соловьев^{1,4}

¹Институт систематики и экологии животных СО РАН (ИСиЭЖ СО РАН),
г. Новосибирск

²ФГБОУ ВО «Новосибирский государственный аграрный университет»
(НГАУ), г. Новосибирск

³Кроноцкий государственный природный биосферный заповедник, г. Елизово

⁴Институт проблем экологии и эволюции им. А.Н. Северцова РАН
(ИПЭЭ РАН), г. Москва

Аннотация. Среди цестод рода *Proteocephalus* есть широко распространенные паразиты лососевых рыб. В связи с высокой морфологической изменчивостью и недостатком сведений об их генетическом разнообразии видовое определение этих цестод на настоящий момент затруднено. В настоящей работе оценено разнообразие цестод сигов (*Coregonus lavaretus*) и гольцов (*Salvelinus malma*) из озер Сибири и Камчатки на основании анализа изменчивости последовательности гена 28S рРНК.

Ключевые слова: *Proteocephalus longicollis*, 28S, скрытое разнообразие.

ВВЕДЕНИЕ

Большая часть видов цестод рода *Proteocephalus* является широко распространенными паразитами пресноводных рыб (Фрезе, 1965; Scholz, Hanzelová, 1998). Представители этого обширного по количеству видов рода имеют характерные морфологические черты, такие как строение сколекса, расположение присосок, особенности строения бурсы цирруса и пр., которые позволяют идентифицировать родовую принадлежность цестод. Однако широкая морфологическая изменчивость отдельных видов часто препятствует их надежной идентификации (Аникиева, 2012; Аникиева, Иешко, Лебедева, 2015). Наличие перекрывающихся значений диагностических признаков, а также утрата типовых образцов привели к сведению в синонимы многих описанных в течение XX в. видов. Так, в результате последней ревизии видов рода *Proteocephalus*, зарегистрированных у рыб в Европе, 23 отмеченных вида были приведены к 11 (Scholz, Hanzelová, 1998). Вид *P. longicollis* (Zeder, 1800), согласно этой работе, имел 15 синонимов и остался единственным в Евразии валидным видом, связанным с хозяевами родов *Coregonus*, *Oncorhynchus*, *Salmo* и *Salvelinus*. Для рыб рода *Thymallus*, кроме *P. longicollis*, еще отмечены цестоды *Proteocephalus thymalli* (Annenkova-

Chlopina, 1923) (Scholz, Hanzelová, 1998) и *P. pronini* Rusinek, 2001 (Русинек, 2001). У лососевых рыб Евразии также зарегистрирован *P. percae* (Müller, 1780) (Аникиева, Иешко, Лебедева, 2015).

Цель настоящей работы – оценить разнообразие цестод лососевых рыб из водоемов Сибири и Дальнего Востока на основании анализа изменчивости последовательности гена 28S рРНК.

МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ

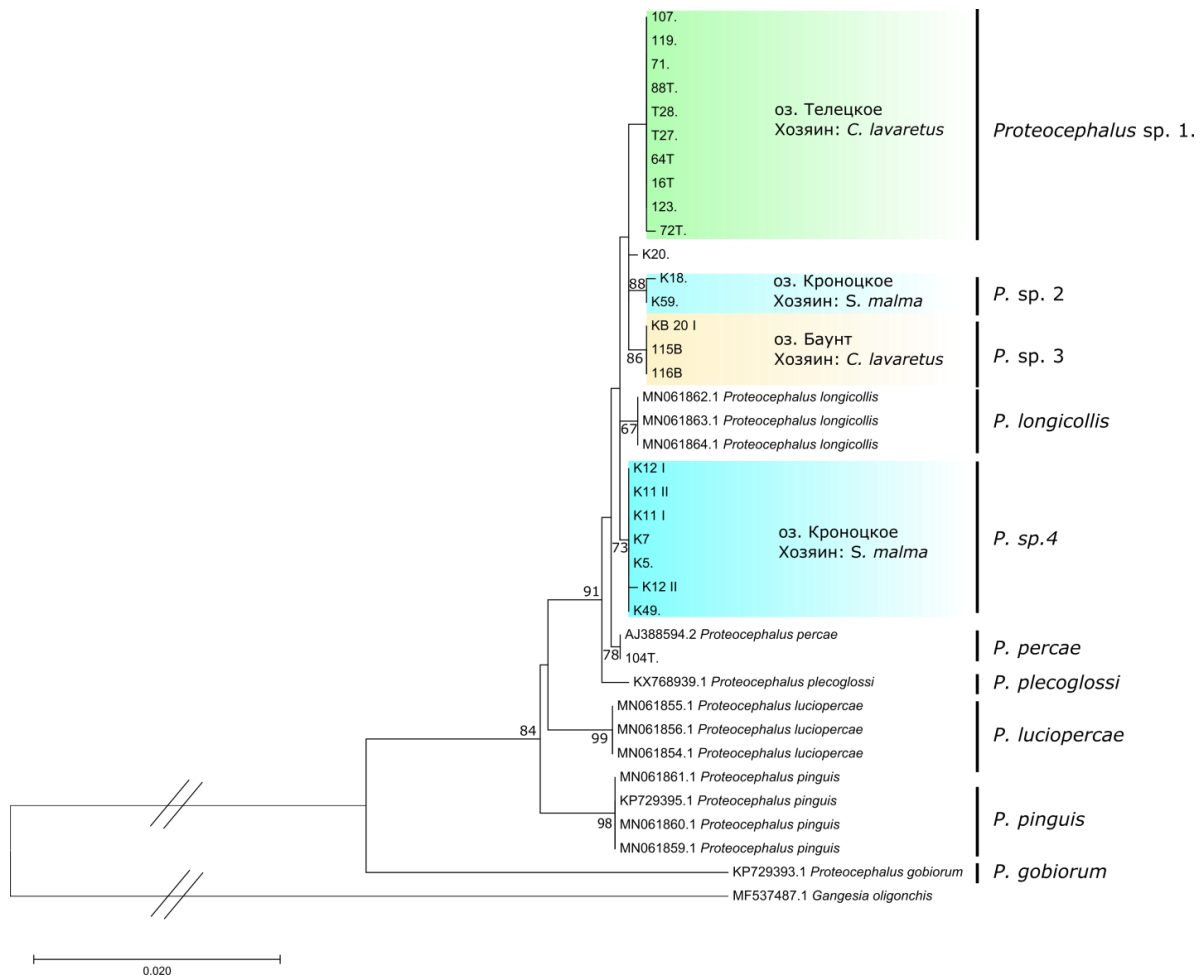
Исследованные паразитические черви были собраны от сига (*Coregonus lavaretus*) озер Телецкое (Республика Алтай) и Баунт (Республика Бурятия), а также от гольцов (*Salvelinus malma*) оз. Кроноцкое (п-ов Камчатка). Паразитологические осмотры рыб производились по методике неполного паразитологического вскрытия, описанной И.Е. Быховской-Павловской (1985). Цестоды были расслаблены в воде и зафиксированы в спирте 70 %. Всего исследовано 10 цестод от сига оз. Телецкое, 3 цестоды из оз. Баунт и 10 цестод от гольцов из оз. Кроноцкое.

Перед выделением ДНК образцы отмывали от спирта в дистиллированной воде. Тотальная ДНК была выделена набором ДНК-сорб-В (Центральный научно-исследовательский институт эпидемиологии) согласно инструкции производителя. У цестод был амплифицирован фрагмент ядерного 28S рРНК-кодирующего гена с использованием праймеров LSU5 (TAGGTTCGACCCGCTGAAATTYAGCA) (Littlewood, Curini-Galletti, Herniou, 2000) и 1500R (GCTATCCTGAGGGAAACTTCG) (Littlewood, Waeschenbach, Nikolov, 2008). При этом условия реакции были следующие: предварительная денатурация при 95 °С – 5 мин; 34 цикла с денатурацией при 95 °С – 15 с, отжигом при 57 °С – 30 с и элонгацией при 72 °С – 80 с; финальная элонгация – 72 °С на 5 мин. При амплификации использован набор для ПЦР BioMaster HS-Taq PCR-Color (2x) (Новосибирск, Россия). Реакционная смесь подготовлена согласно инструкциям производителя набора (http://biolabmix.ru/products/klassicheskaja_pcr/biomaster_hs-taq_pcr-color__2_/). Очистка ПЦР-продукта и секвенирование выполнено в компании «Евроген» (г. Москва, Россия). Полученные последовательности выправлены вручную и выровнены в программе MEGA 11 (Tamura, Stecher, Kumar, 2021). Поиск наиболее близких последовательностей из ГенБанка выполнен с использованием инструментов BLASTN (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/BLAST>). Ближайшие гомологи использованы в дальнейшем филогенетическом анализе. В целях уточнения таксономического положения исследованных образцов производили реконструкцию филогении в программе MEGA 7 (Kumar,

Stecher, Tamura, 2016) методом максимального правдоподобия. Статистическая оценка топологии полученных филогенетических деревьев выполнена с использованием 1000 бутстрэп-реплик.

РЕЗУЛЬТАТЫ И ОБСУЖДЕНИЕ

Полученные последовательности в результате филогенетического анализа вошли в слаборазрешенную кладу вместе с *P. longicollis*, *P. percae* и *P. plecoglossi* (см. рисунок).



Филогенетическое дерево последовательностей гена 28S *Proteocephalus* spp., построенное методом максимального правдоподобия. Цветом выделены клады, образованные оригинальными последовательностями. В узлах показана бутстрэп поддержка со значением > 70

Внутри этой клады они образовали четыре отдельные генеалогии: от сигов из оз. Телецкое (*P. sp. 1*), сигов из оз. Баунт (*P. sp. 3*) и 2 клады от гольцов оз. Кроноцкое (*P. sp. 2* и *P. sp. 4*). Образец из оз. Кроноцкое не был объединен ни с одной из клад. При этом телецкая, баунтовская и камчатская *P. sp. 2* клады сестринские по отношению друг к другу.

Камчатская клада *P. sp. 4* сестринская к *P. longicollis*, а обе клады с Камчатки несестринские друг к другу. Дистанции между последовательностями малы в связи с относительной консервативностью исследованного участка генома, однако столь же малые дистанции отделяют полученные клады от *P. percae* и *P. plecoglossi*. Как следствие, мы предполагаем, что полученные нами клады оригинальных последовательностей имеют видовой уровень.

По всей видимости, у лососевых рыб в Евразии паразитирует комплекс видов, который на настоящий момент объединен под названием *P. longicollis*. Два вида из этого комплекса являются паразитами сигов, еще два – паразитами гольцов. В наших сборах мы не зарегистрировали вид *P. percae* у лососевых рыб. Возможно, его предыдущие идентификации были следствием морфологического сходства с филогенетически близкими ему видами. Вид *P. longicollis* был описан от кумжи и, по всей видимости, связан с хозяевами рода *Salmo*. Дальнейшие исследования генетического разнообразия цестод лососевых рыб могут существенно дополнить наше представление о видовом богатстве и гостальной специфичности этих паразитов.

ЗАКЛЮЧЕНИЕ

Несмотря на высокое прикладное значение сведений о разнообразии паразитов лососевых рыб, являющихся ценными объектами промысла и аквакультуры, данных о генетическом разнообразии их паразитов к настоящему времени крайне недостаточно. Согласно результатам нашего исследования, видовое разнообразие цестод лососевых рыб Сибири и Дальнего Востока выше, чем было зарегистрировано ранее.

СПИСОК ИСПОЛЬЗОВАННОЙ ЛИТЕРАТУРЫ

Аникиева, Л.В. Морфологическая изменчивость и популяционная структура паразита лососевидных рыб цестоды *Proteocephalus longicollis* (Zeder, 1800) в аквакультуре / Л.В. Аникиева // Паразитология. – 2012. – Т. 46, № 6. – С. 425-433.

Аникиева, Л.В. Морфологическая изменчивость цестоды *Proteocephalus percae* (Müller, 1780) / Л.В. Аникиева, Е.П. Иешко, Д.И. Лебедева // Паразитология. – 2015. – Т. 49, № 3. – С. 160-170.

Быховская-Павловская, И.Е. Паразиты рыб. Руководство по изучению / И.Е. Быховская-Павловская. – Ленинград: Наука, 1985. – 121 с.

Русинек, О.Т. Описание нового вида *Proteocephalus pronini* sp. n. (Cestoda: Proteocephalidae) – паразита косогольского хариуса из озера

Хубсугул / О.Т. Русинек // Паразитология. – 2001. – Т. 35, № 2. – С. 159-161.

Фрезе, В.И. Основы цестодологии. Т 5. Протеоцефалыты – ленточные гельминты рыб, амфибий и рептилий / В.И. Фрезе; Под ред. К.И. Скрябина. – Москва: Наука, 1965. – 538 с.

Kumar, S. MEGA7: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Version 7.0 for Bigger Datasets / S. Kumar, G. Stecher, K. Tamura. – DOI 10.1093/molbev/msw054 // Molecular Biology and Evolution. – 2016. – Vol. 33, Iss 7. – P. 1870-1874.

Littlewood, D. T. J. The Interrelationships of Proseriata (Platyhelminthes: Seriata) Tested with Molecules and Morphology/ D. T. J. Littlewood, M. Curini-Galletti, E.A. Herniou. – DOI 10.1006/mpev.2000.0802 // Molecular Phylogenetics and Evolution. – 2000. – Vol. 16, Iss. 3. – P. 449-466.

Littlewood D. In search of mitochondrial markers for resolving the phylogeny of cyclophyllidean tapeworms (Platyhelminthes, Cestoda) – a test study with Davaineidae / D. Littlewood, A. Waeschenbach, P. Nikolov. – DOI 10.2478/s11686-008-0029-4 // Acta Parasitologica. – 2008. – Vol. 53, Iss. 2. – P. 133-144.

Scholz, T.V. Tapeworms of the genus *Proteocephalus* Weinland, 1858 (Cestoda: Proteocephalidae), parasites of fishes in Europe / T. Scholz, V. Hanzelová. – Praha: Publishing House of the Academy of Sciences of the Czech Republic, 1998. – 118 p.

Tamura, K. MEGA11: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Version 11 / K. Tamura, G. Stecher, S. Kumar. – DOI 10.1093/molbev/msab120 // Molecular Biology and Evolution. – 2021. – Vol. 38, Iss. 7. – P. 3022-3027.