

Межрегиональная общественная организация
«Паразитологическое общество» Российской академии наук
Институт биологии южных морей имени А. О. Ковалевского РАН
Зоологический институт РАН



ШКОЛА по теоретической и морской ПАРАЗИТОЛОГИИ

VIII Всероссийская
конференция с международным участием

12–16 сентября 2022, г. Севастополь

Тезисы докладов

Севастополь
2022

УДК 576.89:597.556.333.7

Молекулярно-генетические подходы к видовой идентификации паразитических плоских червей рода *Ligophorus* (Monogenea)

Водясова Е. А.¹, Челебиева Э. С.¹, Атопкин Д. М.², Дмитриева Е. В.¹

¹Институт биологии южных морей им. А. О. Ковалевского РАН,
г. Севастополь, Россия; eavodiasova@gmail.com

²ФНЦ Биоразнообразие наземной биоты Восточной Азии,
Дальневосточное отделение РАН, Владивосток, Россия

Изучение паразитофауны промысловых рыб крайне важно для рыбного промысла и марикультуры. В настоящее время все чаще для идентификации паразитов используют молекулярно-генетические подходы, что связано со сложностью определения видов по морфологическим характеристикам. В Черном и Азовском морях одним из перспективных объектов разведения является *Mugil cephalus* L., 1758 (лобан). На лобане в данном регионе паразитируют два представителя рода *Ligophorus*: *Ligophorus mediterraneus* Sarabeev, Balbuena et Euzet, 2005 и *Ligophorus cephalis* Rubtsova, Balbuena, Sarabeev, Blasco-Costa et Euzet, 2006. Нами был разработан метод для точного и быстрого определения этих двух видов, основанный на ПЦР вариабельных участков рибосомного гена 28S. Было апробировано три подхода: анализ длины амплифицированных фрагментов, аллель-специфичная ПЦР с детекцией в конечной точке и аллель-специфичная ПЦР в реальном времени. Анализ длины амплифицированных фрагментов и аллель-специфичная ПЦР в реальном времени продемонстрировали 100 % совпадение результатов генотипирования при сравнении с морфологической идентификацией и секвенированием по Сэнгеру фрагмента гена 28S. Разработанные подходы могут быть использованы не только для идентификации обитающих на лобане двух видов *Ligophorus* при экологических исследованиях и в ветеринарной практике, но и для последующей разработки подобных методов для других моногеней, среди которых много патогенных видов.

Molecular-genetic approaches to species identification of platyhelminthes of the genus *Ligophorus* (Monogenea) parasitising flathead mullet

Vodiasova E. A.¹, Chelebieva E. S.¹, Atopkin D. M.², Dmitrieva E. V.¹

¹A. O. Kovalevsky Institute of Biology of the Southern Seas RAS, Sevastopol, Russia

²Federal Scientific Center of the East Asia Terrestrial Biodiversity,
Far Eastern Branch of RAS, Vladivostok, Russia

Ligophorus mediterraneus Sarabeev, Balbuena et Euzet, 2005 and *Ligophorus cephalis* Rubtsova, Balbuena, Sarabeev, Blasco-Costa et Euzet, 2006 infect *Mugil cephalus* L., 1758 (flathead mullet) in the Azov-Black Sea region. Morphological identification of these species requires a high level of experience in monogenean taxonomy. We developed a genotyping approach based on the polymerase chain reaction of allele-specific gene sites for various monogenean species.