

УДК: 574:595.122(571.61/.64)
DOI: 10.62963/2073-2899-2025-50-159-162

ЭНДЕМИЗМ ТРЕМАТОД, ЦИРКУЛИРУЮЩИХ НА ЮГЕ ДАЛЬНЕГО ВОСТОКА РОССИИ

^{1,2}Ю.В. Татанова, ^{1,2}В. Израильская, ^{1,2}К.А. Калинина, ¹М.Ю. Щелканов

¹НИИ эпидемиологии и микробиологии им. Г.П. Сомова Роспотребнадзора, Владивосток, Российская Федерация

²Федеральный научный Центр биоразнообразия наземной биоты Восточной Азии ДВО РАН, Владивосток, Российская Федерация

Во всем мире существует проблема некорректной идентификации паразитов в результате использования только морфологических или только молекулярных данных. Эта проблема касается и трематод юга российского Дальнего Востока. Использование комплексного подхода позволило выявить большое количество новых видов, циркулирующих на этой территории, большинство из которых является эндемиками. Обсуждаются основные причины возникновения эндемизма этих червей: геологические и климатические особенности исследуемой территории, а также ограничение распространения паразитов вследствие высокой адаптации к наименее мобильным хозяевам в их жизненных циклах.

Ключевые слова: трематоды, российский Дальний Восток, эндемизм, *Metagonimus suifunensis*

ENDEMISM OF TREMATODES CIRCULATING IN THE SOUTH OF THE RUSSIAN FAR EAST

^{1,2}Yu.V. Tatonova, ^{1,2}A.V. Izrail'skaya, ^{1,2}K.A. Kalinina, ¹M.Yu. Shchelkanov

¹G.P. Somov Institute of Epidemiology and Microbiology of Rospotrebnadzor, Vladivostok, Russian Federation

²Federal Scientific Center of the East Asia Terrestrial Biodiversity, Far Eastern Branch of Russian Academy of Sciences, Vladivostok, Russian Federation

Worldwide, there is a problem of incorrect identification of parasites as a result of using only morphological or molecular data. This problem also affects the tremor of the south of the Russian Far East. The use of an integrated approach has allowed identifying a large number of new species circulating in this area, most of which are endemic. The main causes of endemism of these worms are discussed: geological and climatic features of the studied territory, as well as restriction of parasite spread due to high adaptation to the least mobile hosts in their life cycles.

Keywords: trematodes, Russian Far East, endemism, *Metagonimus suifunensis*.

Видовое разнообразие в сочетании с абиотическими факторами среды определяют устойчивость любой экосистемы, в которой паразиты играют важную роль. Несмотря на выявление множества видов гельминтов и значительный вклад в их изучение, многие вопросы, касающиеся фауны паразитов и статуса таксонов различных рангов, остаются открытыми. Более того, во всем мире сохраняется проблема неточной идентификации представителей разных классов паразитов из-за опоры исключительно на морфологические или молекулярные данные. Эта проблема распространяется и на трематод, циркулирующих на юге Дальнего Востока России, который характеризуется особым географическим расположением, способствующим формированию собственной паразитофауны.

Недавние исследования показали, что только комплексный подход, охватывающий как описание морфологических характеристик гельминтов, так и молекулярные данные, позволяет точно определить таксономический статус многих видов трематод. Важно отметить, что для многих групп паразитов учет данных о жизненном цикле также является обязательным при определении видовой принадлежности. Кроме того, при использовании генетических маркеров решающее значение имеет использование для филогенетического анализа последовательностей как ядерной, так и митохондриальной ДНК. Такой всесторонний подход позволяет выявлять значимые паразитарные инфекции, а

полученные данные могут послужить основой для мониторинга и прогнозирования распространения гельминтозов.

В настоящей работе проведен анализ опубликованных данных по обнаруженным эндемичным видам трематод, циркулирующим на юге российского Дальнего Востока.

Материалы и методы

Материалом для работы послужили разные стадии трематод, извлеченные от естественно зараженных хозяев, а также полученные в ходе заражения в лабораторных условиях. Перечень хозяев, используемых для постановки жизненных циклов, был определен на основе данных для отдельных таксономических групп.

Половозрелых трематод помещали в воду, где они находились до момента гибели, затем фиксировали в 70% этаноле, после этого переводили в 96% этанол. Для изготовления постоянных препаратов червей отмачивали в воде, затем окрашивали квасцовым кармином, обезвоживали в этаноле повышающейся концентрации от 50% до 100%, осветляли в гвоздичном масле и заключали в канадский бальзам. Промеры партенит и метацеркарий сделаны на живых особях, церкарий перед измерением фиксировали в горячем 4% формалине. Изучение морфологии трематод на всех выявленных стадиях развития проводили под бинокулярными микроскопами Микромед МС1 вариант 2С и ЛабоМед-4 вариант 4. Сравнение морфологии проводилось на основе критериев, выявленных для каждой таксономической группы.

Выделение ДНК проводили из отдельных особей паразитов. Для филогенетического анализа методом секвенирования по Сэнгеру с использованием универсальных праймеров были получены первичные нуклеотидные последовательности гена 28S рРНК и участка ITS рДНК, а также последовательности митохондриальных генов *cox1* и *nad1*. Выбор молекулярно-генетических маркеров определялся наличием последовательностей для разных групп трематод в базе данных NCBI. Филогенетический анализ выполняли методами максимального правдоподобия в программе PhyML и методом Байеса в программе MrBayes 3.1.2. Генетические р-дистанции оценивали с помощью программы MEGA.

Результаты и обсуждение

Паразиты в результате особенностей их жизненных циклов зачастую характеризуются отсутствием ярко выраженных морфологических отличий, дифференцирующих их от представителей родственных таксонов. С другой стороны, паразиты могут быть достаточно пластичными и в разных хозяевах проявлять адаптационную изменчивость, которая иногда ошибочно приводит к отнесению разных морфотипов к отдельным видам. Всё это приводит к ошибочному определению их таксономического статуса. Использование молекулярно-генетических маркеров без описания морфологии также приводит к многочисленным ошибкам. Во-первых, иногда нуклеотидные последовательности получают для неверно идентифицированных видов, во-вторых, не всегда возможен подбор подходящего маркера для определения статуса паразита.

Использование комплексного подхода, включающего морфологическое описание разных жизненных циклов паразитов, подкрепленное молекулярно-генетическими данными, а также знания об особенностях циркуляции паразитов на территории юга Дальнего Востока России позволило за последние 10 лет выявить новые виды трематод, часть из которых являются эндемичными для исследуемого региона: *Metorchis ussuriensis* [1], *Erschoviorchis anuiensis* [8], *Cryptocotyle lata* [9], *Metagonimus pusillus* [11], *Exorchis convictus* [7], *Stephanoprora amurensis* [10] и многие другие. Примечательно, что среди этих трематод, в том числе, был выявлен новый вид, который с высокой вероятностью является паразитом человека – *Metagonimus suifunensis* [5]. Трематоды, выявленные в ходе исследования у млекопитающих, также имеют эпидемиологическую значимость. При этом не стоит пренебрегать и изучением гельминтов птиц, поскольку недавно было показано, что некоторые из них могут также инфицировать и млекопитающих [2].

Обширная и малоизученная территория юга российского Дальнего Востока, включает Амурскую область, Еврейскую автономную область, Хабаровский край и Приморский край. Все эти субъекты Российской Федерации занимают приграничное положение, что говорит о возможности миграции паразитов в стран Азиатско-Тихоокеанского региона и обратно, поскольку границы между странами не являются препятствием для паразитов. Тем не менее, большинство выявленных на исследуемой территории трематод не обнаружены в других странах. Так, например, *M. suifunensis*, на настоящий момент, обнаружен только на юге российского Дальнего Востока [5], где пока не подтверждено наличие другого вида – *Metagonimus yokogawai*. При этом последний зарегистрирован в Японии, на территории которой циркулирует большинство представителей рода *Metagonimus* [3]. *M. yokogawai* также распространён в Китае, но перекрытие ареалов этого вида и *M. suifunensis*, циркулирующих на континентальной части Восточной Азии, не обнаружено. Дивергенция этих видов могла быть связана с геологическими процессами, происходившими на данных территориях.

К сожалению, паразитологический материал для большинства обнаруженных новых для науки видов трематод зачастую получен из одного или нескольких локалитетов на юге российского Дальнего Востока. Обширные данные для эндемичных трематод, циркулирующих на исследуемой территории через пресноводных моллюсков, в настоящее время, фактически представлены только для

M. suifunensis [6]. Молекулярно-генетические данные для этого паразита проанализированы из выборок Приморского и Хабаровского краев, а также Еврейской Автономной области. Исследование этого паразита показало, что его распространение тесно ассоциировано с бассейном реки Амур [6], в котором обитают промежуточные хозяева этой и других новых видов трематод. Пресноводные брюхоногие моллюски, как менее мобильные хозяева, через которых циркулируют трематоды, могут ограничивать распространение паразитов в большей степени, чем более разнообразные и менее специфичные вторые промежуточные или окончательные хозяева. Помимо границ бассейна реки Амур на распространение первых промежуточных хозяев оказывает влияние и температурный фактор, который не позволяет моллюскам мигрировать в северном направлении: самым северным локалитетом, в котором нами был обнаружен *M. suifunensis* у промежуточных хозяев, являются водоемы в окрестностях города Комсомольск-на-Амуре (50°56' с.ш.).

Полагаем, что, в целом, такие же причины ограничения ареала существуют и для других трематод, циркулирующих через пресноводных моллюсков на территории континентальной части юга российского Дальнего Востока. Разумеется, не стоит исключать и влияние других хозяев на формирование особенностей распространения тех или иных видов трематод. Так, например, паразиты, окончательными хозяевами которых являются рыбы, будут иметь меньшие возможности к распространению, чем трематоды, паразитирующие у птиц. Но, в любом случае, ограничение распространения и тех, и других паразитов будет, в первую очередь, определяться ареалом их первых промежуточных хозяев. Поэтому наибольший потенциал к распространению можно предположить для паразитов, которые используют битиниид в качестве первых промежуточных хозяев, поскольку, как минимум, *Parafossarulus manchouricus* (Bithyniidae) выявлен как в водоемах от южной части Дальнего Востока России, так и в северных провинциях Вьетнама [4]. Наличие этих моллюсков в разных регионах способствовало распространению эпидемиологически значимого вида трематод – *Clonorchis sinensis*.

Заключение

Большинство новых видов трематод, обнаруженных с использованием комплексного подхода на континентальной части юга российского Дальнего Востока за последние 10 лет, не выявлены в других регионах России и не обнаружены в других странах, в том числе, потенциально опасный для человека паразит – *M. suifunensis*. С одной стороны, это может быть связано со слабой изученностью паразитофауны региона. С другой стороны, это могут быть редко встречающиеся виды. Тем не менее, масштабные исследования территории Японии показали, что, как минимум, *M. suifunensis* не циркулирует в этой стране. Изучение этого паразита в разных локалитетах на юге российского Дальнего Востока показало, что особенности формирования его ареала ассоциированы с историей формирования бассейна реки Амур и распространением промежуточных хозяев паразита в этой водной системе. Полученные данные можно экстраполировать на других трематод региона, поскольку их ареалы также должны быть ограничены наименее мобильными хозяевами.

Формирование ареалов эндемичных видов на юге российского Дальнего Востока зависит от геологических и климатических изменений, а также спектра хозяев, которые участвуют в их циркуляции. Сбор и анализ этих данных важны для выявления состава паразитофауны региона, а также определения перспектив создания методов диагностики для эндемичных видов.

Литература

1. Besprozvannykh V.V., Tatonova Y.V., Shumenko P.G. Life cycle, morphology of developmental stages of *Metorchis ussuriensis* sp. nov. (Trematoda: Opisthorchiidae) and phylogenetic relationships with other opisthorchiids // Journal of Zoological Systematics and Evolutionary Research. 2019; 57: 24-40. DOI: 10.1111/jzs.12230
2. Kalinina K.A., Tatonova Y.V., Besprozvannykh V.V., Shchelkanov M.Yu. First detection of *Psilotrema limosum* in muskrat in East Asia and a description of *Psilotrema elegans* n. sp. // Journal of Helminthology. 2025; 99: e50. DOI: 10.1017/S0022149X25000318
3. Nakao M., Ishikawa T., Hibino Y., et al. Resolution of cryptic species complexes within the genus *Metagonimus* (Trematoda: Heterophyidae) in Japan, with descriptions of four new species // Parasitology International. 2022; 90: 102605. DOI: 10.1016/j.parint.2022.102605
4. Nguyen H.M., Van H.H., Ho L.T., et al. Are *Melanoides tuberculata* and *Tarebia granifera* (Gastropoda, Thiaridae) suitable first intermediate hosts of *Clonorchis sinensis* in Vietnam? // PLoS Neglected Tropical Diseases. 2021; 15: e0009093. DOI: 10.1371/journal.pntd.0009093
5. Shumenko P.G., Tatonova Y.V., Besprozvannykh V.V. *Metagonimus suifunensis* sp. n. (Trematoda: Heterophyidae) from the Russian Southern Far East: morphology, life cycle, and molecular data // Parasitology International. 2017; 66: 982-991. DOI: 10.1016/j.parint.2016.11.002
6. Shumenko P.G., Tatonova Y.V. Assessing the population structure of trematode *Metagonimus suifunensis* using three mitochondrial markers // Parasitology Research. 2022; 121: 915-923. DOI: 10.1007/s00436-022-07456-0
7. Solodovnik D.A., Tatonova Y.V., Urabe M., et al. Three species of *Exorchis* Kobayashi, 1921 (Digenea: Cryptogonimidae) in the East-Asian region: morphological and molecular data // Parasitology. 2021; 148(13): 1578-1587. DOI: 10.1017/S0031182021001232

8. Tatonova Y.V., Besprozvannykh V.V., Katugina L.O., et al. Morphological and molecular data for highly pathogenic avian parasite *Erschoviorchis anuiensis* sp. n. and phylogenetic relationships within the Opisthorchiidae (Trematoda) // *Parasitology International*. 2020; 75: 102055. DOI: 10.1016/j.parint.2020.102055

9. Tatonova Y.V., Besprozvannykh V.V. Description of a new species, *Cryptocotyle lata* sp. nov., and discussion of the phylogenetic relationships in Opisthorchioidea // *Parasitology International*. 2019; 72: 101939. DOI: 10.1016/j.parint.2019.101939

10. Tatonova Y.V., Izrailskaia A.V., Besprozvannykh V.V. *Stephanoprora amurensis* sp. nov., *Echinocasmus milvi* Yamaguti, 1939 and *E. suifunensis* Besprozvannykh, 1991 from the Russian southern Far East and their phylogenetic relationships within the Echinocasmidae Odhner, 1910 // *Parasitology*. 2020; 147(13): 1469-1479. DOI: 10.1017/S0031182020001444

11. Tatonova Y.V., Shumenko P.G., Besprozvannykh V.V. Description of *Metagonimus pusillus* sp. nov. (Trematoda: Heterophyidae): phylogenetic relationships within the genus // *Journal of Helminthology*. 2018; 92(6): 703-712. DOI: 10.1017/S0022149X17001146

Сведения об ответственном авторе:

Татонова Юлия Викторовна - к.б.н., заведующая лабораторией эндопаразитологии НИИ эпидемиологии и микробиологии им. Г.П. Сомова Роспотребнадзора, Владивосток, Россия; с.н.с. лаборатории паразитологии Федерального научного Центра биоразнообразия наземной биоты, Восточной Азии ДВО РАН, Владивосток, Россия; e-mail: ytatonova@gmail.com.

УДК: 579.017.7:579.25:579.842.23

DOI: 10.62963/2073-2899-2025-50-162-165

РЕКОНСТРУКЦИЯ МЕТАБОЛИЧЕСКОЙ МОДЕЛИ *YERSINIA PSEUDOTUBERCULOSIS* НА ОСНОВЕ ПОЛНОГЕНОМНОЙ АННОТАЦИИ

¹М.Ф. Трофимова, ¹А.А. Белик, ¹М.П. Бынина, ^{1,2}А.С. Соловьёва,

^{1,2}С.Р. Бережная, ^{1,3}А.А. Яковлев, ^{1,2}М.Ю. Щелканов

¹ НИИ эпидемиологии и микробиологии им. Г.П. Сомова Роспотребнадзора, Владивосток, Российская Федерация

² Школа медицины и наук о жизни Дальневосточного федерального университета, Владивосток, Российская Федерация

³ Тихоокеанский государственный медицинский университет, Владивосток, Российская Федерация

Реконструкция метаболических моделей геномного масштаба является важным инструментом для изучения метаболических возможностей патогенных бактерий и прогнозирования проявлений их физиологии в различных условиях. *Yersinia pseudotuberculosis* – грамотрицательная бактерия, вызывающая антропозоонозные инфекции, чья метаболическая сеть изучена недостаточно подробно. В данной работе представлена реконструкция метаболической модели на основе полногеномной аннотации штамма *Y. pseudotuberculosis/Primorsky_krai/mouse/ysp-169498/1998* (VGARus ID prim001995) из Коллекции патогенных микроорганизмов НИИ эпидемиологии и микробиологии им. Г.П. Сомова Роспотребнадзора. Полученная сеть включает 1312 генов, 1510 метаболитов и 2388 реакций, охватывая ключевые метаболические пути, такие, как углеводный обмен, биосинтез аминокислот и энергетический метаболизм.

Ключевые слова: *Yersinia pseudotuberculosis*, метаболическая модель, реконструкция, геномный масштаб, метаболические пути

RECONSTRUCTION OF A GENOME-SCALE METABOLIC MODEL OF *YERSINIA PSEUDOTUBERCULOSIS* BASED ON THE COMPLETE GENOME ANNOTATION

¹M.F. Trofimova, ¹A.A. Belik, ¹M.P. Bynina, ^{1,2}A.S. Solovyova, ^{1,2}S.R. Berezhnaya,

^{1,3}A.A. Yakovlev, ^{1,2}M.Yu. Shchelkanov