

Филогения палеарктических Allocreadiidae (Trematoda: Plagiorchiida)

Vainutis K. S. et al. New insights into the systematics of Cyclocoelidae (Trematoda: Echinostomatoidea) based on novel morphological and molecular data, with description of a new species and a new genus //Systematic Parasitology. – 2024. – T. 101. – №. 6. – С. 1-14.

Тип Плоские черви – Platyhelminthes Gegenbaur, 1859

Класс Трематоды – Trematoda Rudolphi, 1808

Подкласс Дигенетические сосальщики – Digenea Carus, 1863

Отряд Plagiorchiida La Rue, 1957

Подотряд Xiphidiata Olson, 2003

Надсемейство Gorgoderioidea Looss, 1901

Семейство Allocreadiidae (Looss, 1902) Stossich, 1903

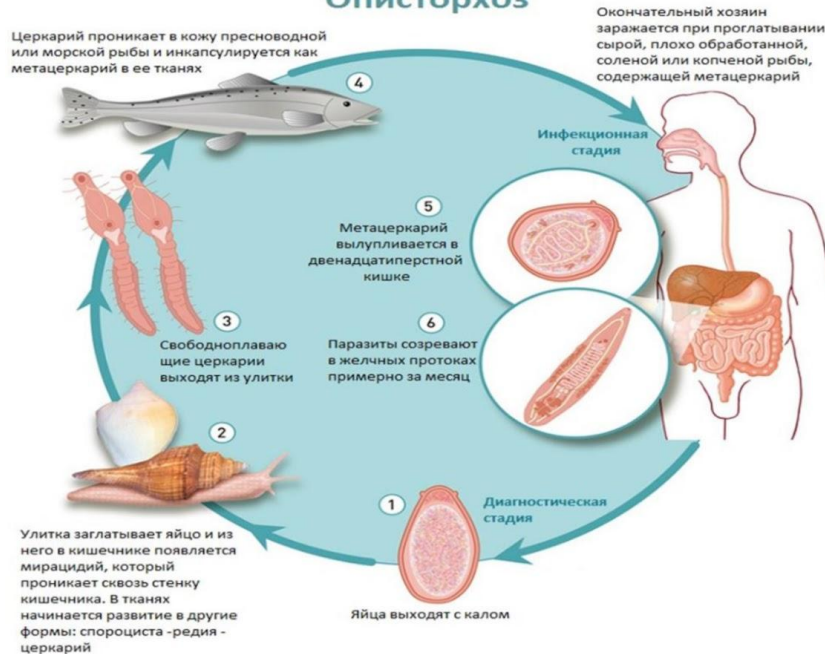
Синонимы: Bunoderidae Nicoll, 1914; Walliniidae Skrjabin et Koval, 1966;

Crepidostomidae García Magaña et López Jiménez, 2008

Типовой род: *Allocreadium* Looss, 1900

Биология развития *O. felineus*

Описторхоз



Характеризуется тройной сменой хозяев: промежуточный - моллюски, промежуточный - рыбы, окончательный - млекопитающие (человек, кошка), дикие млекопитающие, (лисица, песец, соболь и др.).

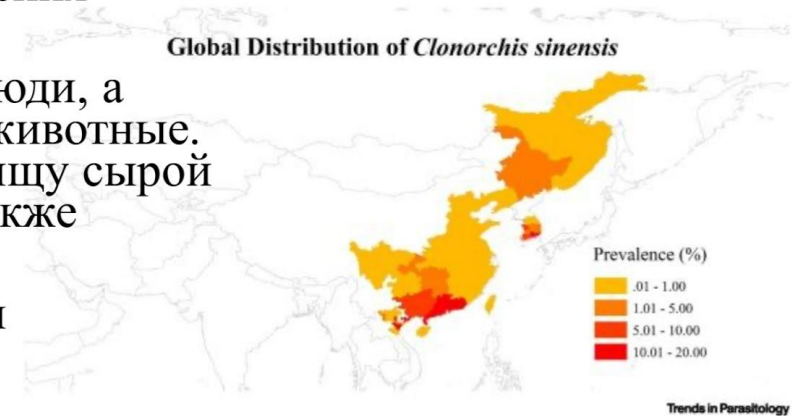
Из кишечника окончательных хозяев зрелые яйца выделяются в окружающую среду и сохраняют жизнеспособность 5-6 мес. В воде яйцо заглатывается моллюском рода *Codiella*, из него выходит **мирацидий** и в печени моллюска превращаются в **церкарии**. Церкарии выходят из моллюска в воду и при помощи секрета особых желез прикрепляются к коже рыб семейства карповых. Затем они активно внедряются в подкожную клетчатку и мускулатуру, инцистируются, превращаясь в **метацеркарий**. Через 6 нед метацеркарии становятся инвазионными.

В кишечнике дефинитивного хозяина личинки освобождаются от оболочек цист и мигрируют в печень. Иногда они могут попадать также в поджелудочную железу.

Через 3-4 нед после заражения паразиты начинают выделять яйца. Продолжительность жизни кошачьей двуустки может достигать **20-25 лет**

Эпидемиология и клиника

- Клонорхоз широко распространен в Китае, Японии, Корее и в ряде других стран Юго-Восточной Азии. В некоторых эндемичных районах поражено до 80 % населения, а в общей сложности клонорхозом инвазированы миллионы людей. В России в Приамурье пораженность коренного населения (нанайцы) достигает 25 %.
- Источником инвазии служат зараженные люди, а также собаки, кошки и дикие плотоядные животные. Человек заражается при употреблении в пищу сырой и недостаточно обеззараженной рыбы, а также креветок.
- Патогенез и клиника схожи с описторхозом (увеличение селезенки у 30% пациентов)



Цель исследования. Используя морфологический и молекулярно-генетический методы провести таксономическую ревизию палеарктических Allocreadiidae, уточнить филогенетические связи между видами из родов *Acrolichanus* Ward, 1917, *Crepidostomum* Braun, 1900, *Stephanophiala* Nicoll, 1909, *Bunodera* Railliet, 1896 и *Allocreadium* Looss, 1900.

Для достижения цели были поставлены следующие задачи:

1. Изучить видовое разнообразие родов *Acrolichanus*, *Crepidostomum*, *Stephanophiala*, *Bunodera* и *Allocreadium* на основании морфологической дифференциации червей каждого рода и реконструировать их межвидовые филогенетические связи с использованием генов 28S рРНК и *cox1* мтДНК.
2. Провести оценку морфологических отличий между родами семейства Allocreadiidae и реконструировать его филогенетические связи, используя фрагмент гена 28S рРНК.

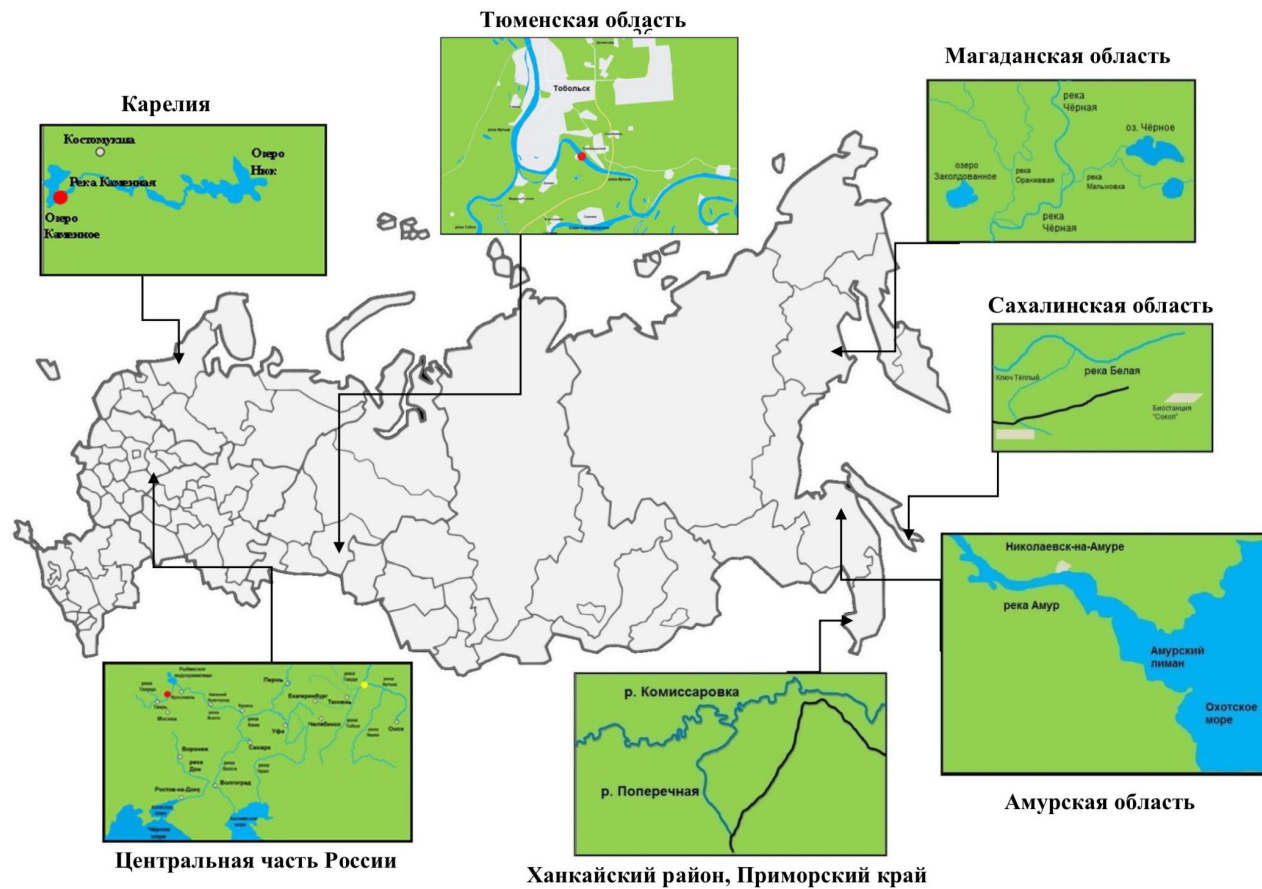
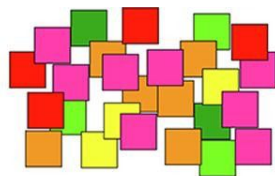
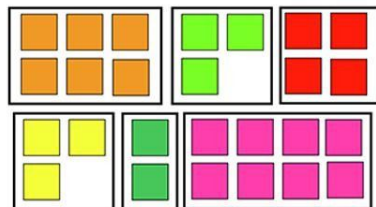


Рисунок 1. Карта России с отмеченными местами сбора паразитологического материала

Intensive
sampling/
barcoding



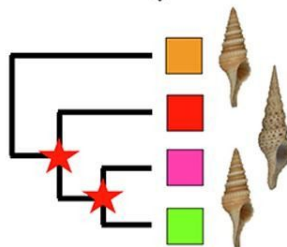
cox-1-based
species
delimitation



Sub-sampling
for phylogeny



Exon-capture-
based
phylogeny



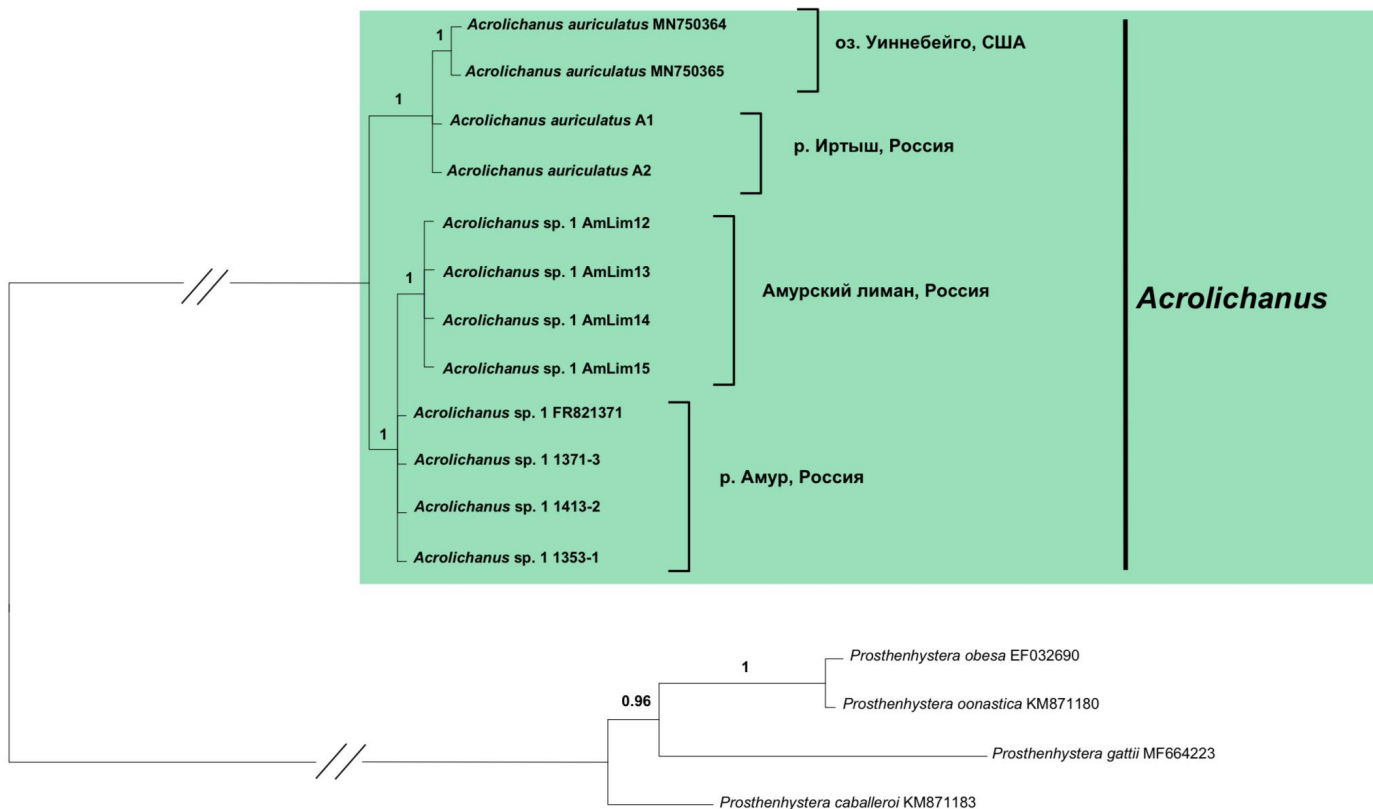


Рис.2. Филогенетическое дерево для рода *Acrolichanus* на основе анализа фрагмента гена 28S рРНК.

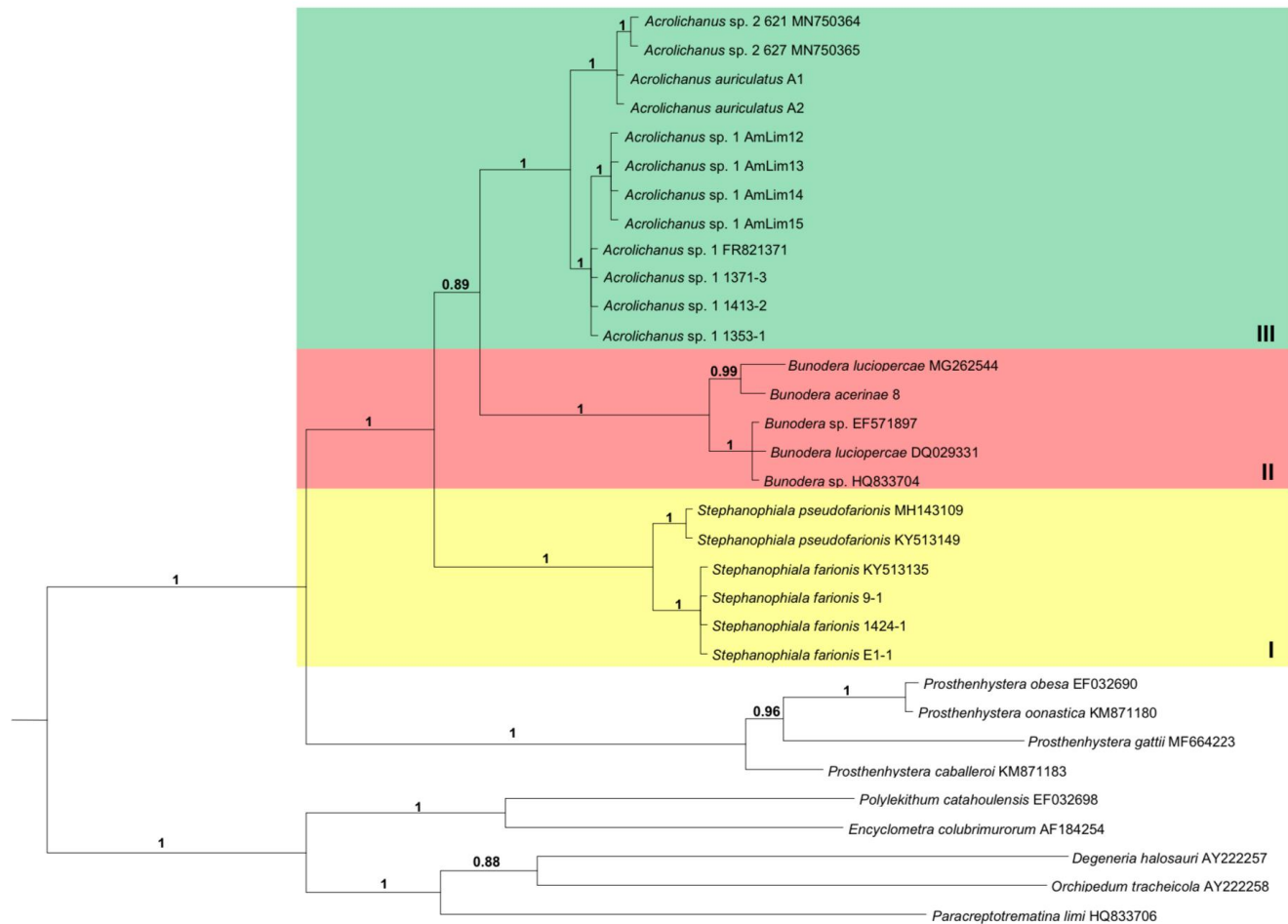


Рис.3. Филогенетическое дерево для трёх родов Alloecreadiidae на основе анализа фрагмента гена 28S рРНК. Римскими цифрами отмечены клады, выделенные разными цветами: I - Stephanophiala; II — Bunodera; III -Acrolichanus.

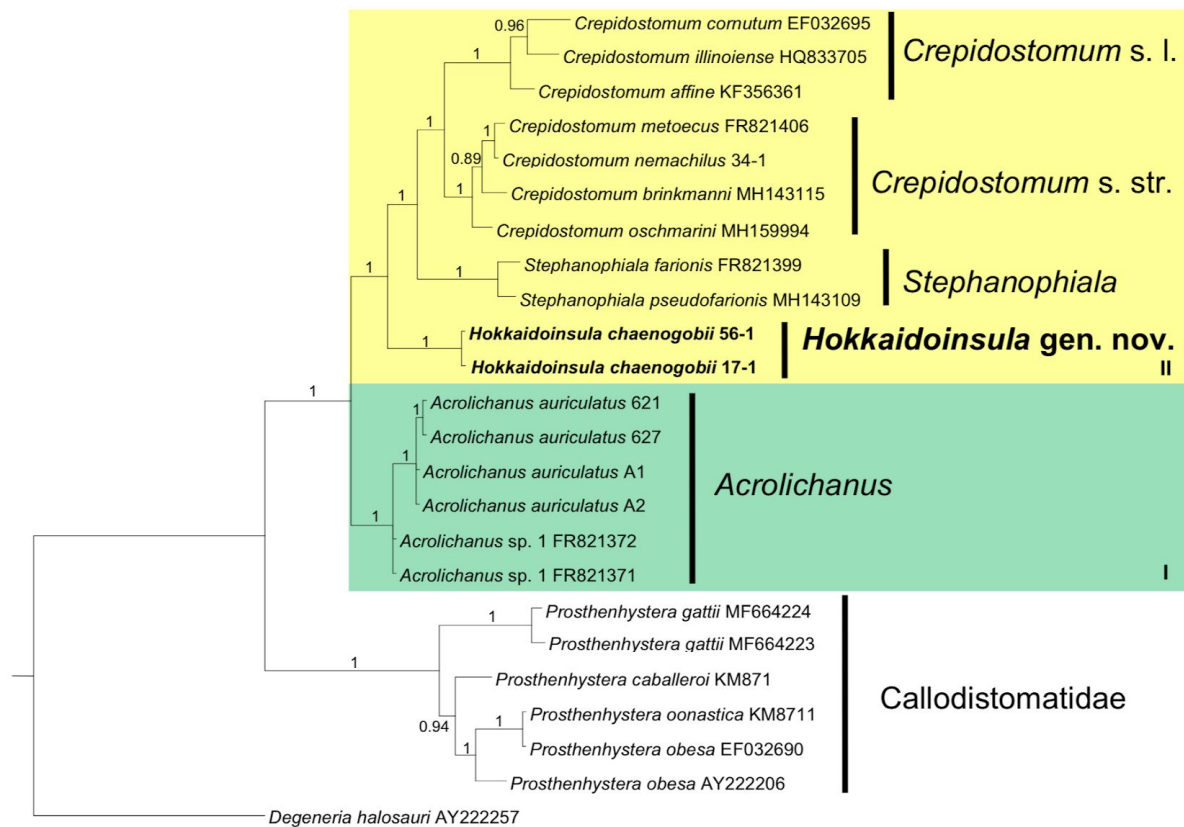


Рис.4. Филогенетическое древо для четырёх родов Allocreadiidae на основе анализа фрагмента гена 28S рПНК. Жирным шрифтом выделены виды, исследуемые в настоящей работе. Римскими цифрами отмечены клады, выделенные разными цветами: I - *Acrolihanus*; II - *Hokkaidoinsula* gen. nov., *Stephanophiala*, *Crepidostomum* s. l.

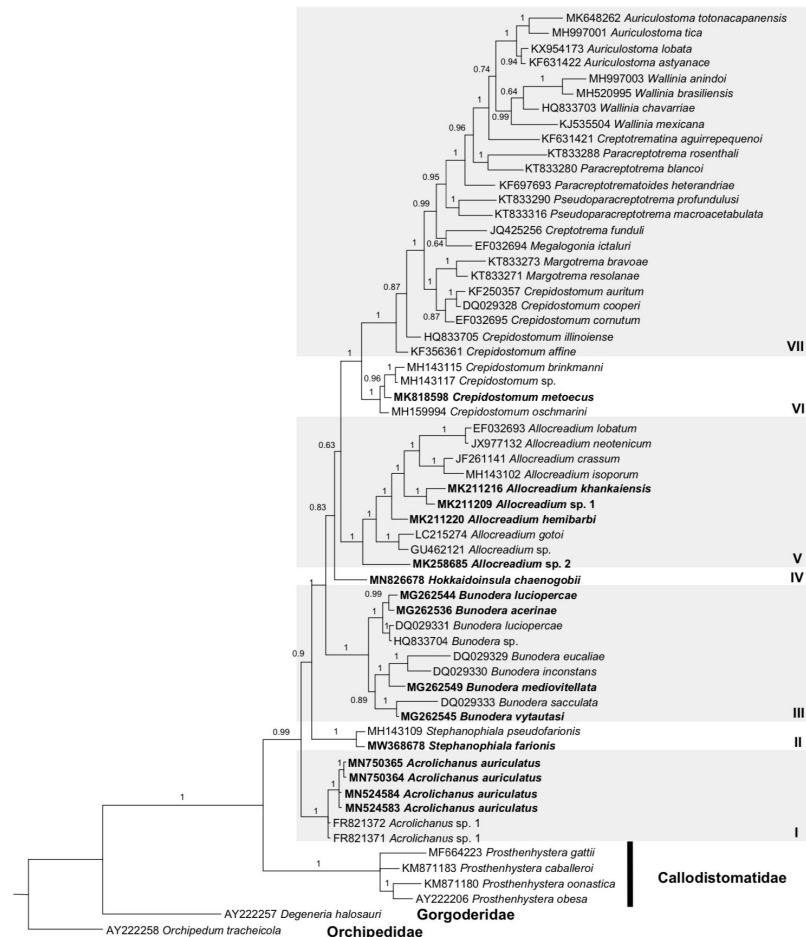


Рис. 5. Филогенетическое древо семейства Allocreadiidae на основе фрагмента гена 28S рРНК, построенное с помощью метода Байесовского Вывода.

Выводы

1. Установлено, что комплекс видов «*Crepidostomum metoecus*» представляет собой самостоятельный род *Crepidostomum* Braun, 1900 s. str. В составе 5 видов: *C. metoecus* (типовой вид), *C. nemachilus*, *C. oschmarini*, *C. achmerovi* и *C. brinkmanni*. Генетические дистанции по фрагментам генов 28S рРНК (0%) и COX-1 мтДНК (1.65-3.67%) между отдельными выборками *C. metoecus* соответствовали внутривидовому уровню, что подтвердило его статус в качестве вида-космополита. Синонимизация *C. nemachilus* с видами *C. metoecus* и *Stephanophiala farionis* оказалась несостоятельной. Новый вид *C. achmerovi* из реки Комиссаровка по морфологическим критериям оказался близкородственным видом *C. nemachilus*.

2. На основе анализа фрагмента гена 28S рРНК из выборок из Приморья, Южного Сахалина и Японии восстановлен род *Stephanophiala* Nicoll, 1909, в состав которого вошли три вида: *S. farionis* (типовой вид), *S. pseudofarionis* и *S. wikgreni*. Результаты анализа филогенетических связей родов *Bunodera* (типовой вид *B. luciopercae*) и *Allocreadium* (типовой вид *A. isoporum*) подтвердили их монофилетичность, при этом установлено, что изученные роды насчитывают по 7 и 20 валидных видов соответственно.

3. Показано, что семейство Allocreadiidae в Палеарктике насчитывает 76 номинальных видов, относящихся к 6 родам: *Acrolichanus*, *Stephanophiala*, *Bunodera*, *Hokkaidoinsula*, *Allocreadium* *Crepidostomum*. По молекулярно-генетическим данным подтверждена валидность только для 21 вида, в том числе для 14 видов по результатам настоящего исследования. Три вида (*Bunodera vytautasi* Atopkin, Sokolov, Shedko, Vainutis et Orlovskaya, 2018; *Allocreadium khankaiensis* Vainutis, 2020, *Crepidostomum achmerovi* Vainutis, Voronova, Urabe, 2021) и один род (*Hokkaidoinsula* gen. nov.) описаны как новые для науки.