

**ФЕДЕРАЛЬНОЕ ГОСУДАРСТВЕННОЕ БЮДЖЕТНОЕ УЧРЕЖДЕНИЕ НАУКИ
ЗООЛОГИЧЕСКИЙ ИНСТИТУТ РОССИЙСКОЙ АКАДЕМИИ НАУК**

**Группа научных специальностей: 1.5. Биологические науки
Шифр научной специальности: 1.5.17. Паразитология**

ПОРТФОЛИО АСПИРАНТА

Ганкевича Владимира Денисовича



Санкт-Петербург 2023

1. Общие сведения

Дата рождения: 27.11.00

E-mail: vd_gankevich@mail.ru

Телефон: +79218451823

Образование: Санкт-Петербургский Государственный Университет, Биологический факультет, магистр

Лаборатория: лаборатория по изучению паразитических членистоногих

Тема диссертационной работы: Митохондриальные геномы галловых клещей (Acariformes, Eriophyoidea): разнообразие, структурные особенности и эволюция

Научный руководитель: доктор биологических наук, ведущий научный сотрудник Четвериков Филипп Евгеньевич

Год поступления в аспирантуру: 2023

Форма обучения: очная

2. Публикации

Статьи:

1. Chetverikov, P.E.; Craemer, C.; Gankevich, V.D.; Vishnyakov, A.E.; Zhuk, A.S. A New Webbing *Aberoptus* Species from South Africa Provides Insight in Silk Production in Gall Mites (Eriophyoidea). *Diversity* **2023**, *15*, 151. <https://doi.org/10.3390/d15020151>
2. Chetverikov, P.E.; Craemer, C.; Gankevich, V.D.; Kremenetskaya, M.V.; Kuzmin, I.V.; Zhuk, A.S. Endoparasitic Gall Mites: Two New *Novophytoptus* Species (Eriophyoidea, Phytoptidae) from Southern African Sedges (Cyperaceae, *Carex*) and New Hypotheses on the Phylogeny of Novophytoptines. *Diversity* **2023**, *15*, 416. <https://doi.org/10.3390/d15030416>
3. Chetverikov, P.E.; Craemer, C.; Gankevich, V.D.; Zhuk, A.S. Integrative Taxonomy of the Gall Mite *Nothopoda todeica* n. sp. (Eriophyidae) from the Disjunct Afro-Australasian Fern *Todea barbara*: Morphology, Phylogeny, and Mitogenomics. *Insects* **2023**, *14*, 507. <https://doi.org/10.3390/insects14060507>
4. Chetverikov, P.E.; Bolton, S.J.; Craemer, C.; Gankevich, V.D.; Zhuk, A.S. Atypically Shaped Setae in Gall Mites (Acariformes, Eriophyoidea) and Mitogenomics of the Genus *Leipothrix* Keifer (Eriophyidae). *Insects* **2023**, *14*, 759. <https://doi.org/10.3390/insects14090759>

Тезисы:

1. Ганкевич В.Д. Филогенетический анализ семейства Mermithidae (Braun, 1883) на основе молекулярных данных. Сборник конференции «Ломоносов-2022». 2022.

2. Ганкевич В.Д. Митогеномика фитопаразитических арахнид: первый аннотированный митогеном нотоподоидного галлового клеща *Nothopoda* sp. (Acariformes: Eriophyoidea: Nothopodinae) из Южной Африки. Сборник конференции «Ломоносов-2023». 2023.
3. Ганкевич В.Д., Ефейкин Б.Д., Спиридонов С.Э. Филогенетический анализ семейства Memrithidae (Braun, 1883) на основе молекулярных данных. Материалы VII Межрегиональной научной конференции (с международным участием) паразитологов Сибири и Дальнего Востока "Паразитологические исследования в Сибири и на Дальнем Востоке". Стр. 9, 2022.
4. Ганкевич В.Д., Ефейкин Б.Д. Сравнительный анализ транскриптомов свободноживущей и паразитической стадий жизненного цикла некоторых групп нематод. Тезисы докладов 14-й Международной школы молодых ученых "Системная биология и биоинформатика" SBB-2023 (Новосибирск). Стр. 7, 2023. DOI 10.18699/SBB-2023-07
5. Ганкевич В.Д., Четвериков Ф.Е., Жук А.С. Митогеномика фитопаразитических арахнид: новые данные о разнообразии митохондриальных геномов Eriophyoidea. Тезисы докладов VII Съезда Паразитологического Общества: Итоги и Актуальные Задачи. Стр. 80, 2023. УДК 595.122

3. Участие в конференциях

1. Конференция «Ломоносов-2022», 2022, Москва. Устный доклад.
2. Конференция «Ломоносов-2023», 2023, Москва. Устный доклад. Лучший доклад на подсекции «Энтомология».
3. VII Межрегиональная научная конференция (с международным участием) паразитологов Сибири и Дальнего Востока "Паразитологические исследования в Сибири и на Дальнем Востоке", 2022, Новосибирск. Постерный доклад.
4. 14-я Международная школа молодых ученых "Системная биология и биоинформатика" SBB-2023, 2023, Новосибирск. Устный доклад.
5. VII Съезда Паразитологического Общества: Итоги и Актуальные Задачи, 2023, Петрозаводск. Устный доклад.

4. Участие в грантах

1. Грант РФФИ 18-04-00256 А, Изучение микроэволюционных процессов у представителей Nematoda и Nematomorpha, паразитирующих в членистоногих животных., руководитель - Малышева Светлана Владимировна
2. Грант РНФ 23-24-00063 Митогеномика фитопаразитических арахнид: генные перестройки в эволюции митохондриальных геномов галловых

клещей (Acariformes, Eriophyoidea), руководитель - Четвериков Филипп Евгеньевич

3. НЦМУ "Агротехнологии будущего" соглашение № 075-15-2022-322 от 22.04.2022, руководитель - Тихонович Игорь Анатольевич

5. Научно-педагогическая деятельность

Научное руководство бакалаврами, магистрами, специалистами: нет.

Чтение лекций, проведение семинарских и практических занятий: Проведение практических занятий по зоологии беспозвоночных для студентов 1-го курса Биологического факультета СПбГУ (2021-2023). Чтения курса лекций «Зоология беспозвоночных» в рамках курсов по подготовке школьников к ВСОШ по биологии в ЭБЦ «Крестовский остров» (2020, 2021, 2022, 2023). Учитель биологии и химии в ГБНОУ «СПБ ГДТЮ» Аничков лицей с 2021 года. Руководство учебно-исследовательскими проектами школьников в рамках предмета «Научно-исследовательская деятельность». Доклад «Митогеномика фитопаразитических арахнид» на Аничковских чтениях. Куратор секции «Химия и химические основы медицины» на Открытой юношеской научно-практической конференции «Будущее сильной России – в высоких технологиях».

6. Дополнительная информация (дипломы, грамоты, именные стипендии, премии, стажировки, молодежные школы и т.п.)

Участник 14-й Международной школы молодых ученых "Системная биология и биоинформатика" SBV-2023, 2023, Новосибирск.

7. Сведения об освоении основной образовательной программы подготовки научно-педагогических кадров в аспирантуре (результаты сданных экзаменов, зачетов, кандидатских экзаменов, сведения о педагогической практике). Указать название дисциплины, время (месяц и год) сдачи, полученную оценку.

Сведения о сдаче кандидатских экзаменов

№ п/п	Дисциплина	Дата сдачи	Оценка	Место сдачи
1	История и философия науки			ЗИН РАН
2	Иностранный язык (английский)			ЗИН РАН
3	Паразитология			ЗИН РАН



Open Access

Article

Atypically Shaped Setae in Gall Mites (Acariformes, Eriophyoidea) and Mitogenomics of the Genus *Leipothrix* Keifer (Eriophyidae)

by Philipp E. Chetverikov ^{1,2,*} ,
 Samuel J. Bolton ³ , Charnie Craemer ⁴ ,
 Vladimir D. Gankevich ¹ and Anna S. Zhuk ⁵

- ¹ Zoological Institute of Russian Academy of Sciences, Universitetskaya Naberezhnaya 1, 199034 St. Petersburg, Russia
 - ² Department of Invertebrate Zoology, St. Petersburg State University, Universitetskaya Naberezhnaya 7/9, 199034 St. Petersburg, Russia
 - ³ Florida State Collection of Arthropods, Division of Plant Industry, Florida Department of Agriculture and Consumer Services, Gainesville, FL 32608, USA
 - ⁴ Landcare Research, 231 Morrin Road, Auckland 1072, New Zealand
 - ⁵ Institute of Applied Computer Science, ITMO University, 197101 St. Petersburg, Russia
- * Author to whom correspondence should be addressed.

Insects **2023**, *14*(9), 759;

<https://doi.org/10.3390/insects14090759>

Received: 16 August 2023 / Revised: 6 September 2023 /

Accepted: 8 September 2023 /

Published: 12 September 2023

(This article belongs to the Section **Insect Systematics, Phylogeny and Evolution**)

Download

Browse Figures

Versions Notes

A New Webbing *Aberoptus* Species from South Africa Provides Insight in Silk Production in Gall Mites (Eriophyoidea)

by Philipp E. Chetverikov ^{1,*} ,
 Charnie Craemer ² , Vladimir D. Gankevich ¹ ,
 Andrey E. Vishnyakov ¹ and Anna S. Zhuk ¹

¹ Department of Invertebrate Zoology, St. Petersburg State University, Universitetskaya Nab. 7/9, 199034 St. Petersburg, Russia

² Manaaki Whenua—Landcare Research, 231 Morrin Road, Auckland 1072, New Zealand

* Author to whom correspondence should be addressed.

Diversity **2023**, *15*(2), 151;
<https://doi.org/10.3390/d15020151>

Received: 26 December 2022 / Revised: 12 January 2023 /
Accepted: 17 January 2023 / Published: 21 January 2023

[Download](#) [Browse Figures](#)[Versions Notes](#)

Abstract

Arthropods include a high diversity of lineages adapted for silk production. Several species of microscopic phytophagous mites of the hyperdiverse superfamily Eriophyoidea spin web; however, the origin of their silk is unknown. We described a new web-spinning mite, *Aberoptus schotiae* n. sp., collected from leaves of *Schotia brachypetala*

Сравнительный анализ транскриптомов свободноживущей и паразитической стадий жизненного цикла некоторых групп нематод

Ганкевич В.Д.^{1*}, Ефейкин Б.Д.²

¹ Санкт-Петербургский государственный университет, кафедра зоологии беспозвоночных, Санкт-Петербург, Россия

² Институт проблем экологии и эволюции им. А.Н. Северцова РАН, лаборатория систематики и эволюции паразитов, Москва, Россия

* vd.gankevich@gmail.com

Ключевые слова: нематоды, *Rhabdias bufonis*, паразитизм, гены паразитизма, транскриптомы

Целью работы было обнаружение генов, специфически экспрессирующихся на паразитической стадии жизненного цикла нематод *Rhabdias bufonis*. Подобные исследования уже проводились для установления генов, ассоциированных с паразитизмом у различных видов рода *Strongyloides* [1]. Для достижения поставленной цели нами были получены транскриптомы для паразитических самок нематод из легких травяной лягушки и свободноживущих личинок первого возраста. Личинки выводились из яиц в лабораторных условиях по модифицированной методике Chu (1936) [2]. Особи вышеуказанных стадий фиксировались в 70% этаноле для анализа ДНК и подтверждения видовой принадлежности, растворе IntactRNA для анализа транскриптомов и в 4% формалине для получения снимков со светового микроскопа и анализа морфологии. В результате были получены данные относительно сходств и различий в группах генов, экспрессирующихся на разных стадиях жизненного цикла *Rhabdias bufonis*, выявлены гены, экспрессия которых приурочена к паразитической стадии. Полученные результаты дают представление о специфике генетической регуляции жизнедеятельности паразитических самок нематод рода *Rhabdias*, помогают в поиске генов-мишеней при борьбе с нематодными инвазиями. Дополнение полученных данных информацией о специфической экспрессии генов на паразитических стадиях у других нематод позволят сделать выводы о механизмах приспособления к паразитическому образу жизни и потенциальных способах борьбы с различными патогенными формами круглых червей. **Благодарности:** Грановичу Андрею Игоревичу, д.б.н., СПбГУ, Спиридонову Сергею Эдуардовичу, д.б.н., ИПЭЭ им. А.Н. Северцова РАН, Четверикову Филиппу Евгеньевичу, д.б.н., ЗИН РАН, Крапивину Владимиру Александровичу, СПбГУ.

Список литературы

1. Hunt V.L. et al. Comparative transcriptomics gives insights into the evolution of parasitism in *Strongyloides* nematodes at the genus, subclade and species level. *Sci Rep.* 2018;8(1):5192.
2. Langford G.J., Janovy J. Comparative life cycles and life histories of North American *Rhabdias* spp. (Nematoda: Rhabdiasidae): Lungworms from snakes and anurans. *J. Parasitol.* 2009;95(5):1145-1155.

Endoparasitic Gall Mites: Two New *Novophytoptus* Species (Eriophyoidea, Phytoptidae) from Southern African Sedges (Cyperaceae, *Carex*) and New Hypotheses on the Phylogeny of Novophytoptines [†]

by Philipp E. Chetverikov ^{1,*} ,
 Charnie Craemer ² , Vladimir D. Gankevich ¹ ,
 Maria V. Kremenetskaya ¹ ,
 Igor V. Kuzmin ³ and Anna S. Zhuk ¹

¹ Faculty of Biology, St. Petersburg State University, Universitetskaya Nab. 7/9, 199034 St. Petersburg, Russia

² Landcare Research, 231 Morrin Road, Auckland 1072, New Zealand

³ X-BIO Institute, Tyumen State University, Volodarskogo Str. 6, 625003 Tyumen, Russia

* Author to whom correspondence should be addressed.

[†] urn:lsid:zoobank.org:pub:E373CF37-CFD2-4A00-B25F-5004177BF77B; urn:lsid:zoobank.org:act:4E4C99C6-946D-4A33-B51F-0EC0FC4BBA68;
urn:lsid:zoobank.org:act:6AFAC180-4481-4B70-90C4-9001E6CD8769.

Diversity **2023**, *15*(3), 416;

<https://doi.org/10.3390/d15030416>

Received: 22 December 2022 / Revised: 9 March 2023 /

Accepted: 10 March 2023 / Published: 12 March 2023

(This article belongs to the Section Phylogeny and Evolution)

Download

Browse Figures



Московский государственный университет
имени М.В.Ломоносова



ЛОМОНОСОВ
МЕЖДУНАРОДНЫЙ МОЛОДЕЖНЫЙ НАУЧНЫЙ ФОРУМ

ГРАМОТА

награждается

Ганкевич Владимир Денисович

за доклад «Митогеномика фитопаразитических арах-
нид: первый аннотированный митогеном нотопо-
дидного галлового клеща *Nothopoda* sp. (Acariformes:
Eriophyoidea: *Nothopodinae*) из Южной Африки»

на секции «Биология»
Международной конференции студентов, аспирантов
и молодых ученых «Ломоносов-2023»

Ответственный секретарь
Международного молодежного научного
форума «Ломоносов»,
кандидат биологических наук

А.И. Андреев



10-21 апреля 2023 года

СЕРТИФИКАТ УЧАСТНИКА



SBB-2023

14-я Международная школа молодых ученых
Системная биология и биоинформатика
22–26 мая 2023, ИЦиГ СО РАН Новосибирск, Россия
14th International Young Scientists School
«Systems Biology and Bioinformatics», SBB-2023
22–26 May, 2023, ICG SB RAS, Novosibirsk, Russia

Ганкевич Владимир Денисович

Студент магистратуры, СПбГУ, Санкт-Петербург, Россия

Участник прошел обучение по практикам №: 2, 4

Настоящий сертификат подтверждает, что участник принял участие в 14-й Международной школе молодых ученых «Системная биология и биоинформатика» / 14th International Young Scientists School «System Biology and Bioinformatics», SBB-2023, прошедшей с 22 по 26 мая 2023 года в Новосибирске в ИЦиГ СО РАН.

Организаторы Школы SBB-2023:

- ФГБНУ «Федеральный исследовательский центр Институт цитологии и генетики Сибирского отделения Российской академии наук», ИЦиГ СО РАН, г. Новосибирск
- Курчатовский геномный центр Института цитологии и генетики СО РАН (номер проекта: № 075-15-2019-1662)

Председатель программного комитета Школы SBB-2023
Научный руководитель ФИЦ ИЦиГ СО РАН, Новосибирск
академик РАН Н.А. Колчанов

Научная программа Школы SBB-2023 включала следующие мероприятия:

- 9 образовательных лекций российских ученых;
- 7 практических занятий по темам:
 1. Введение в потоковое моделирование метаболических систем микроорганизмов.
 2. Анализ транскриптомных данных.
 3. Работа с пакетами программ геномной селекции.
 4. От мотивов связывания транскрипционных факторов к экспрессии генов. Что можно узнать из данных ChIP-seq эксперимента?
 5. Реконструкция геномных сетей с использованием программы ANDVisio платформы ANDSystem.
 6. Построение и анализ SIR моделей распространения эпидемий.
 7. Мультиомное профилирование единичных клеток на платформе BD Rhapsody (scRNA-seq и Ab-Seq);
- секция докладов молодых ученых с конкурсом на лучшие доклады (устные и стендовые);
- постерная сессия (физическая и интерактивная).

Open Access

Article

Atypically Shaped Setae in Gall Mites (Acariformes, Eriophyoidea) and Mitogenomics of the Genus *Leipothrix* Keifer (Eriophyidae)

by  Philipp E. Chetverikov ^{1,2,*}  , Samuel J. Bolton ³  ,  Charnie Craemer ⁴  , Vladimir D. Gankevich ¹   and  Anna S. Zhuk ⁵  

¹ Zoological Institute of Russian Academy of Sciences, Universitetskaya Naberezhnaya 1, 199034 St. Petersburg, Russia

² Department of Invertebrate Zoology, St. Petersburg State University, Universitetskaya Naberezhnaya 7/9, 199034 St. Petersburg, Russia

³ Florida State Collection of Arthropods, Division of Plant Industry, Florida Department of Agriculture and Consumer Services, Gainesville, FL 32608, USA

⁴ Landcare Research, 231 Morrin Road, Auckland 1072, New Zealand

⁵ Institute of Applied Computer Science, ITMO University, 197101 St. Petersburg, Russia

* Author to whom correspondence should be addressed.

Insects **2023**, *14*(9), 759;

<https://doi.org/10.3390/insects14090759>

Received: 16 August 2023 / Revised: 6 September 2023 /

Accepted: 8 September 2023 /

Published: 12 September 2023

(This article belongs to the Section **Insect Systematics, Phylogeny and Evolution**)

Download 

Browse Figures

Versions Notes

Митогеномика фитопаразитических арахнид: первый аннотированный митогеном нотопоидного галлового клеща *Nothopoda* sp. (Acariformes: Eriophyoidea: Nothopodinae) из Южной Африки

Научный руководитель – Четвериков Филипп Евгеньевич

Ганкевич Владимир Денисович

Студент (магистр)

Санкт-Петербургский государственный университет, Биологический факультет,

Санкт-Петербург, Россия

E-mail: vd_gankevich@mail.ru

Надотряд Acariformes (акариформные клещи) – крупнейший таксон хелицеровых, включающий множество экономически значимых видов клещей-паразитов, кровососов и вредителей растений. Галловые клещи (надсем. Eriophyoidea) – микроскопические гостально-специфические облигатные фитопаразиты. Они имеют червеобразное тело, покрытое кольцевыми кутикулярными складками, и только две пары конечностей. Известно порядка 4500 видов, относящихся к трем семействам: Eriophyidae, Diptilomiopidae и Phytoptidae. Анализ морфологических признаков галловых клещей не дает возможности четко проследить филогенез этой группы в силу наличия большого количества гомоплазий и отсутствия явных синапоморфий. Разрешить филогенетические взаимоотношения при помощи отдельных молекулярных маркеров (18S, 28S, 16S, Cox1) также не удастся. Решением проблемы может стать использование филогеномного подхода. На данный момент в базе данных NCBI есть два полных генома (томатного клеща *Aculops lycopersici* и земляничного клеща *Fragariocoptes setiger*) и только 5 полных аннотированных митохондриальных геномов. Нами поставлена задача получить митогеномные данные для широкого спектра таксонов галловых клещей, сравнить порядок митохондриальных генов у представителей разных филогенетических линий и реконструировать филогенез Eriophyoidea на основе анализа последовательностей митохондриальных генов. Первым шагом к достижению этой цели была работа с митогеномом нового вида клещей рода *Nothopoda* (Eriophyidae: Nothopodinae) собранного с вайи папоротника *Todea barbara* в Южной Африке. Это первое описание полного митогенома для клещей подсемейства Nothopodinae. Митогеном *Nothopoda* sp. имеет длину 14018 bp и содержит стандартный набор из 13 белок-кодирующих генов, 22 генов tRNA, 2 генов rRNA и контрольного региона. Порядок генов близок к таковому у других представителей семейств Eriophyidae и Diptilomiopidae, которых объединяет такой признак, как расположение кластера генов 12S-Val-16S на позитивной цепи мтДНК (у фитоптид – на негативной). К уникальным особенностям митогенома *Nothopoda* sp. можно отнести: (1) транслокацию гена тРНК N в район перед геном pad5, (2) кластер из пяти генов тРНК (C-Y-Q-W-M), расположенный между генами pad2 и cox1, а также (3) атипичное положение контрольного региона между генами cox1 и cox2. При этом сам контрольный регион в 6 раз длиннее чем у других изученных представителей Eriophyoidea (651 bp vs 114 bp) и включает поли(АТ)-повторы. Полученные данные по структуре митогенома войдут в описание нового вида *Nothopoda*. В ходе дальнейших работ планируется описать и сравнить митогеномы галловых клещей из подсемейств Aberoptinae, Cecidophyinae, Eriophyinae и Phyllocoptinae.

Работа выполнена при поддержке гранта РНФ 23-24-00063 и ИЦМУ «Агротехнологии будущего», соглашение № 075-15-2022-322 от 22.04.2022.

Филогенетический анализ семейства Mermithidae (Braun, 1883) на основе
молекулярных данных

Научный руководитель – Гранович Андрей Игоревич

Ганкевич Владимир Денисович

Студент (магистр)

Санкт-Петербургский государственный университет, Биологический факультет,
Санкт-Петербург, Россия

E-mail: vd_gankevich@mail.ru

На сегодняшний день продолжается уточнение филогенетических связей в различных группах организмов. Однако, несмотря на постоянное увеличение количества данных и совершенствование методик, остаются группы, филогенетические взаимоотношения внутри которых до сих пор четко не прослежены.

Одной из таких групп является семейство Mermithidae (Mermithida, Enoplea, Nematoda) [1, 4]. Стоит отметить, что для нематод в целом и для мермитид в частности характерна крайняя скудность морфологических признаков, позволяющих четко идентифицировать организм, а имеющиеся связаны со спецификой устройства головного отдела и половой системы, то есть представлены у взрослых особей, в то время как в природе в основном обнаруживаются личиночные стадии [1, 2, 3]. В этой связи весьма актуальными представляются именно молекулярные исследования. Однако молекулярные данные, касающиеся мермитид, на данный момент в основном представляют собой разрозненные нуклеотидные последовательности различной длины. Тем не менее сейчас возобновляются попытки систематизировать эту группу организмов [4, 6].

В нашем исследовании мы сфокусировались на анализе генов 18s rRNA, 28s rRNA и COI нескольких мермитид из Вьетнама, Подмоскovie и с Кавказа, полученных из моллюсков и многоножек. Последовательности, с которыми проводилось сравнение полученных нами данных, были взяты из генетического банка NCBI. Помимо этого, были проанализированы митохондриальные геномы двух личинок третьего возраста, так как применение мтДНК для филогенетического анализа Nematoda считается репрезентативным [4,5]. Геномы были проаннотированы, по результатам аннотации были созданы карты расположения генов в митохондриальных геномах. На основании всех перечисленных выше маркеров были построены и проанализированы филогенетические деревья, включающие как вновь полученные последовательности, так и последовательности из базы данных NCBI.

Источники и литература

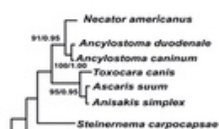
- 1) Артюховский А. К. Почвенные мермитиды: систематика, биология, использование. Изд-во ВГУ, 1990.
- 2) Рубцов И. А. Мермитиды. Происхождение, биология, распространение. Л., 1977.
- 3) Рубцов И. А. Мермитиды: классификация, значение, использование. Л., 1978.
- 4) Huan, B. C., S. C. Lewis, S. Tang, and Z. Wu. Rampant gene rearrangement and haplotype hypervariation among nematode mitochondrial genomes // *Genetica*. 2011. 139:611-615.
- 5) Kern E. M. A., Taeho Kim and Park J. The Mitochondrial Genome in Nematode Phylogenetics // *Frontiers in Ecology and Evolution*. 2020.

1

Конференция «Ломоносов-2022»

- 6) Tang S. Comparative mitochondrial genomics of the Nematoda: The family Mermithidae represents rapid enoplean mitochondrial DNA evolution. Dissertation, University of California-Riverside, 2006.

Иллюстрации



**МИТОГЕНОМИКА ФИТОПАРАЗИТИЧЕСКИХ АРАХНИД:
НОВЫЕ ДАННЫЕ О РАЗНООБРАЗИИ
МИТОХОНДРИАЛЬНЫХ ГЕНОМОВ ERIOPHYOIDEA**

Ганкевич В.Д.¹, Четвериков Ф.Е.¹, Жук А.С.²

¹ Зоологический институт РАН, Университетская наб., 1,
Санкт-Петербург, 199034 Россия,
vd.gankevich@gmail.com

² Институт прикладных компьютерных наук, Университет ИТМО,
Кровверкский пр., 49, Санкт-Петербург, 191002 Россия

Четырехногие галловые клещи образуют крупное надсемейство Eriophyoidea (Acariformes, Arachnida), включающее три семейства и более 4500 видов облигатных гостально специфических фитопаразитов. Эти клещи имеют червеобразное тело, несущее кольцевые складки кутикулы, и всего две пары ходильных конечностей. Систематика этих клещей до сих пор во многом остается непроясненной. Морфологические исследования не дают ответов на вопросы филогении этих организмов в силу наличия большого количества гомоплазий и невозможности выявить четкие синапоморфии. Использование отдельных молекулярных маркеров, таких как 18srRNA, 28srRNA, Cox1, тоже не приносит существенных результатов. В этой связи потенциальным решением проблемы может стать филогеномный подход. В своем исследовании мы сконцентрировались на изучении митохондриальных геномов большого количества различных видов галловых клещей. В работах предыдущих авторов было продемонстрировано, что митохондриальные геномы эриофиоидов характеризуются высокой степенью консерватизма и последовательность генов в них во многом соответствуют гипотетической предковой последовательности для всех членистоногих. Наши данные показывают, что разнообразие митогеномов галловых клещей намного выше, чем предполагалось ранее, и позволяют сделать выводы о кладогенезе внутри этой таксономической группы.

**MITOGENOMICS OF PHYTOPARASITIC ARACHNIDS:
NEW DATA ON THE DIVERSITY OF ERIOPHYOIDEA'S
MITOCHONDRIAL GENOMES**

Gankevich V.D., Chetverikov P.E., Zhuk A.S.

Our research is aimed at expanding knowledge about the mitochondrial genomes of Eriophyoidea mites and assessing their applicability in phylogenetic analysis. The data we have obtained show that the diversity of mitochondrial genomes is significantly higher than previously assumed. In addition, the result allow us to draw some conclusions about cladogenesis within the Eriophyoidea superfamily.

Open Access

Feature Paper

Article

Integrative Taxonomy of the Gall Mite *Nothopoda todeica* n. sp. (Eriophyidae) from the Disjunct Afro-Australasian Fern *Todea barbara*: Morphology, Phylogeny, and Mitogenomics [†]

by Philipp E. Chetverikov ^{1,*} Charnie Craemer ² Vladimir D. Gankevich ¹ and Anna S. Zhuk ³

¹ Zoological Institute of Russian Academy of Sciences, Universitetskaya Nab. 1, 199034 St. Petersburg, Russia

² Manaaki Whenua—Landcare Research, 231 Morrin Road, Auckland 1072, New Zealand

³ Institute of Applied Computer Science, ITMO University, 191002 St. Petersburg, Russia

* Author to whom correspondence should be addressed.

[†] urn:lsid:zoobank.org:pub:09BBB94A-071F-43EC-B057-B5E5A763E209.

Insects **2023**, *14*(6), 507;

<https://doi.org/10.3390/insects14060507>

Received: 4 May 2023 / Revised: 27 May 2023 /

Accepted: 27 May 2023 / Published: 31 May 2023

(This article belongs to the Special Issue **Mites: Systematics, Ecology, and Evolution**)

Download

Browse Figures

Versions Notes



Simple Summary

Филогенетический анализ семейства Mermithidae (Braun, 1883) на основе молекулярных данных

Ганкевич В.Д.¹, Ефейкин Б.Д.²

¹ Санкт-Петербургский Государственный университет, биологический факультет, кафедра зоологии беспозвоночных, Санкт-Петербург

² ИПЭЭ РАН им. А.Н.Северцова, Ленинский просп. 33, Москва 119071 Россия.

Несмотря на увеличение количества данных о самых разных аспектах организации различных организмов и развитие биологических методик, до сих пор остаются крайне слабо изученные группы организмов. К подобным группам можно отнести и тип Nematoda.

В числе наименее систематизированных таксонов нематод справедливо можно выделить семейство Mermithidae (Mermithida, Eupolea). Это группа паразитоидных нематод, на стадии личинки третьего возраста обитающих в беспозвоночных хозяевах. Как и большинство нематод, мермитиды характеризуются малым набором морфологических и морфометрических признаков, зачастую не позволяющих четко разграничить представителей разных родов, что затрудняет исследования и систематизацию данного семейства. Помочь в разрешении филогенетических связей может применение молекулярных методов. К сожалению, на текущий момент большинство молекулярных данных по мермитидам представляет собой набор разрозненных неопределенных последовательностей отдельных генов. Наше исследование направлено на прояснение филогении мермитид и восстановление этого направления исследований.

В данной работе мы сосредоточились на анализе маркерных последовательностей генов 18S rRNA, 28S rRNA и ген COI мтДНК мермитид из Вьетнама, Подмоскovie и с Кавказа. Паразитические личинки мермитид были получены из моллюсков и многоножек. Наши данные сравнивались

с последовательностями из генетической базы данных NCBI. В дополнение к анализу отдельных маркеров, были получены и проаннотированы полные митохондриальные геномы для представителей двух родов мермитид — *Ovomermis* sp. и *Hexamermis* sp. На основании этих последовательностей были сформированы схемы расположения генов в митохондриальном геноме этих мермитид.

В ходе данного исследования мы убедились в том, что наиболее информативными для прояснения филогенетических связей в семействе Mermithidae на данный момент оказываются гены 18S rRNA и COI. Это с одной стороны объясняется их достаточно высокой вариабельностью, с другой стороны наличием консервативных участков. Прочтения по этим генам мермитид наиболее широко представлены в NCBI. На основании данного анализа нами были определены отобранные представители родов *Hexamermis*, *Ovomermis* и *Mermis*. Рода *Hexamermis* и *Ovomermis* попадают в одну кладу со 100 %-ной поддержкой по всем изученным маркерам. Мультигенный анализ митохондриальных геномов дает аналогичные результаты, что наводит на мысль об объединении этих родов с учетом особенностей сходных особенностей их жизненного цикла, морфологии и экологии. При этом, монофилия всего семейства Mermithidae не подтверждается ни в одном из анализов.

Исследование выполнено при поддержке гранта РНФ 19-74-20147.

Phylogenetic analysis of the Mermithidae family (Braun, 1883) based on molecular data

Gankevich V.D., Efeykin B.D., Spiridonov S.E.

Our research was targeted to clarify phylogenetic relationships in one of the least investigated groups of Nematodes — the Mermithidae family — with usage of molecular methods. 18S rRNA, 28S rRNA and COI gene's sequences were used as molecular markers in our analysis. In addition, we obtained two full mitochondrial genomes from *Hexamermis* sp. and *Ovomermis* sp.. As a result, three phylogenetic trees based on selected genes, one multigenic tree (based on 12 mitochondrial protein-coding genes) and two maps of mtDNA were constructed.