

Министерство науки и высшего образования Российской Федерации
Дальневосточный федеральный университет
Школа естественных наук

**МАТЕРИАЛЫ
РЕГИОНАЛЬНОЙ НАУЧНО-ПРАКТИЧЕСКОЙ
КОНФЕРЕНЦИИ СТУДЕНТОВ, АСПИРАНТОВ
И МОЛОДЫХ УЧЁНЫХ
ПО ЕСТЕСТВЕННЫМ НАУКАМ**

Владивосток
15–30 апреля 2019 г.

Научное электронное издание

Владивосток
Дальневосточный федеральный университет
2019

УДК 082
ББК 94.3
М34

Ответственный редактор А.В. Малюгин

М34 **Материалы Региональной научно-практической конференции студентов, аспирантов и молодых учёных по естественным наукам, Владивосток, 15–30 апреля 2019 г. [Электронный ресурс] / Отв. ред. А.В. Малюгин. – Электрон. дан. – Владивосток: Дальневост. федерал. ун-т, 2019. – Режим доступа: https://www.dvfu.ru/schools/school_of_natural_sciences/sciences/the-conference/new-page.php. – Загл. с экрана.**

ISSN 2500-3518.

В сборнике опубликованы научно-исследовательские работы студентов, аспирантов и молодых ученых, представленные по результатам проведения Региональной научно-практической конференции студентов, аспирантов и молодых учёных по естественным наукам (г. Владивосток, 15 апреля - 30 апреля 2019 г.). Работы молодых исследователей охватывают направления естественных и физико-математических наук, развивающиеся в высших учебных заведениях России.

УДК 082
ББК 94.3

Текстовое электронное издание

Минимальные системные требования:

Веб-браузер Internet Explorer версии 6.0 или выше, Opera версии 7.0 или выше, Google Chrome 3.0 или выше).

Минимальные требования к конфигурации и операционной системе компьютера определяются требованиями перечисленных выше программных продуктов.

Компьютер с доступом к сети Интернет.

© ФГАОУ ВО «ДВФУ», 2019

Размещено на сайте 11.09.2019 г.

14 Мб

Дальневосточный федеральный университет
690095, г. Владивосток, ул. Суханова, 8
E-mail: editor_dvfu@mail.ru

3. Явнов, С.В. Атлас двустворчатых моллюсков дальневосточных морей / С. В. Явнов. — Владивосток: Русский Остров, 2016

Михайлова Е.Р., Семенченко А.А., Мордухович В.В.

ГЕНЕТИЧЕСКОЕ РАЗНООБРАЗИЕ НЕМАТОД РОДА *CURVOLAIMUS* (ENOPLIDA: ONCHOLAIMIDAE) ИЗ ГЛУБОКОВОДНЫХ АКВАТОРИЙ СЕВЕРО-ЗАПАДНОЙ ПАЦИФИКИ

Кафедра экологии ШЕН ДВФУ

Научный руководитель – к.б.н., доцент кафедры экологии Мордухович В.В.

Нематоды – самая обильная группа многоклеточных организмов морского бентоса, играющая значительную роль в потоках вещества и энергии донных сообществ [1]. Изученность состава, структуры, расселения, биогеографии, экологии глубоководных нематод очень низкая [5]. Типичной и многочисленной группой глубоководной нематофауны являются представители семейства Oncholaimidae Filipjev, 1916. В ходе изучения макробентоса Курильской котловины (Охотское море), Курило-Камчатского желоба и прилегающих акваторий Тихого океана в рамках российско-немецких экспедиций SokhoBio (2015 г.), KuramBio I (2012 г.), KuramBio II (2016 г.) онхоляимиды были обнаружены практически на всех станциях. Одними из наиболее обильных и часто встречающихся были нематоды рода *Curvolaimus* Wieser, 1953. В настоящее время описано 5 видов этого рода, один из которых найден в Японском море (табл.).

Таблица

№	Вид	Место нахождения	Тип грунта и глубина (м)
1	<i>Curvolaimus decipiens</i> Wieser, 1953	Побережье Чили	Илистый грунт, 200 м
2	<i>C. wieseri</i> Timm, 1961	Бенгальский залив	Илистый грунт
3	<i>C. uteratus</i> Vitiello, 1970	Средиземное море	Илистый грунт, 320 м и 650 м
4	<i>C. originals</i> Belogurov, 1981	Татарский пролив (Японское море)	Илистый грунт, 158 м
5	<i>C. filiformis</i> Zhang, Huang, 2003	Желтое море	Илистый грунт, 59 м

Род характеризуется неоднозначным диагнозом и положением в рамках семейства Oncholaimidae. Вместе с особенностями морфологии это определяет трудности идентификации видов в пределах рода. Первичный анализ показал морфологическое разнообразие представителей рода и позволил выделить четыре морфологически различных группы особей, иногда встречающихся в пределах одной станции. Известно, что использование молекулярно-генетических подходов помогает в решении трудностей диагностики таксонов. Также, использование широкого набора генетических признаков позволяет реконструировать эволюционные события и уточнить классификацию организмов на различных таксономических уровнях. Для такого анализа используются последовательности нуклеотидов митохондриальной (мтДНК) или ядерной (ядДНК) ДНК. Расчет генетических дистанций, построение филогенетических деревьев и использование специализированных подходов позволяет разделять данные с последовательностями широкого числа особей на условные генетические виды (Molecular Operational Taxonomic Unit, MOTU). Целью работы стало изучение генетического разнообразия нематод рода

Curvolaimus из глубоководных акваторий северо-западной Пацифики. Для анализа использовались малая и большая субъединица рибосомной ДНК (18S-28S рДНК), внутренние транскрибируемые спейсеры (ITS1-2) и участок первой субъединицы цитохромоксидазы (COI). Суммарная длина всех генетических маркеров составила 3479 пар нуклеотидов (пн.). В работе использовалось 36 особей рода *Curvolaimus*. Выделение ДНК выполнялось с помощью щелочного лизиса, или HotShot [7]. Целевые участки ДНК амплифицировались с помощью Taq-полимеразы и набора праймеров, широко используемых для свободноживущих нематод. Секвенирование образцов выполнялось на автоматическом анализаторе Applied Biosystems 3130XL на базе кафедры клеточной биологии и генетики ШЕН ДВФУ. Полученные хроматограммы были собраны вручную с использованием пакета программ MEGA7.

Для оценки изменчивости полученных образцов по каждому генетическому маркеру были рассчитаны дистанции с использованием Кимура 2-параметрической модели. Значения попарных генетических дистанций для 18S, 28S, и ITS находились в пределах – 0.0-0.6% (в среднем 0.3%), 0.0-2.7% (1.4%), 0.0-5.2 (3.0%) соответственно. Невысокие для уверенного разделения особей на различные молекулярно-таксономических единицы (MOTU) дистанции [2] компенсировались значительной дивергенцией по COI мтДНК, попарные дистанции по которому достигали 30.0% (в среднем 17.7%), что позволяет обоснованно выделить различные MOTU [3], допуская их соответствие биологическим видам. Цитохромоксидаза I используется как основной инструмент для ДНК баркодинга и является основным маркером для глобальной биоидентификации животных [4]. Однако, этот маркер не всегда успешно амплифицируется на свободноживущих нематодах. Лишь для 25% особей был получен сиквенс этого локуса.

Филогенетическое ультраметрическое дерево было получено в программе BEAST (модель молекулярной эволюции Hasegawa-Kishino-Yano, НКУ) с использованием конкатенанта, состоящего из 18S, 28S, и ITS рДНК суммарной длиной 3086 пн. На дереве выявлено более 10 обособленных клад, видовая самостоятельность большинства из которых обоснована высокими дистанциями по COI. Для более точного разделения полученного дерева на MOTU нами использовался подход Multi-rate Poisson tree processes (MPTP), где в качестве входного файла использовалось полученное с помощью байесовского анализа дерево. MPTP выделил 12 самостоятельных молекулярных таксономических единиц в пределах используемой выборки особей рода *Curvolaimus*, что более чем в 2 раза превышает известное к настоящему времени число видов этого рода.

Список литературы

1. Чесунов А.В. Биология морских нематод / А. В. Чесунов - М.: Т-во научных изданий КМК. - 2006. – 367 с.
2. Armenteros, M., Rojas-Corzo, A., Ruiz-Abierno, A., Derycke, S., Backeljau, T., & Decraemer, W. (2014). Systematics and DNA barcoding of free-living marine nematodes with emphasis on tropical desmodorids using nuclear SSU rDNA and mitochondrial COI sequences, *Nematology*, 16(8), 979-989.
3. Derycke S., Vanaverbeke J., Rigaux A., Backeljau T., Moens T. 2010a. Exploring the use of cytochrome oxidase c subunit 1 (COI) for DNA barcoding of free-living marine nematodes // *PLoS One*, 5:e13716.
4. Hebert P.D.N., Cywinska A., Ball S.L. 2003. Biological identifications through DNA barcodes // *Proc. R. Soc. Lond. B. Biol.*, Vol. 270. P. 313–321.

5. Miljutin D.M., Gad G., Miljutina M.M., Mokievsky V.O., Fonseca-Genevois V., Esteves, A.M. The state of knowledge on deep-sea nematode taxonomy: how many valid species are known down there? // *Mar. Biodivers.*, 2010. Vol. 40. P. 1–17. doi: 10.1007/s12526-010-0041-4
6. Tchesunov A.V., Portnova D.A., van Campenhout J. Description of two free-living nematode species of *Halomonhystera disjuncta* complex (Nematoda: Monhysterida) from two peculiar habitats in the sea // *Helgol. Mar. Res.*, 2015. Vol. 69. P. 57–85.
7. Truett, G. E. Preparation of PCR-quality mouse genomic DNA with hot sodium hydroxide and tris (Hot SHOT) / G. E. Truett, P. Heeger, R. L. Mynatt, J. A. Walker, M. L. Warman // *Biotechniques*. – 2000. – Vol. 29. – P. 52-54.

Прокопенко О.Д.^{1,3}, Макаренко Ю.С.²

**ОСОБЕННОСТИ ГНЕЗДОВАНИЯ ТИХООКЕАНСКОГО ПОДВИДА
ОБЫКНОВЕННОЙ ГАГИ *SOMATERIA MOLLISSIMA V-NIGRUM* В АССОЦИАЦИИ С
ВИДАМИ-ПОКРОВИТЕЛЯМИ В ДЕЛЬТЕ Р. АПАПЕЛЬГИН, ЗАПАДНАЯ ЧУКОТКА**

¹Институт биологических проблем Севера ДВО РАН

²Кафедра биологии и химии ФЕНиМ СВГУ

³Кафедра биоразнообразия и морских биоресурсов ШЕН ДВФУ

⁴Лаврентийский университет, Садбери, Онтарио, Канада

Научные руководители:

к.б.н., ведущий научный сотрудник Д. В. Соловьёва¹, проф. Ф. Мэллори⁴

История исследования обыкновенной гаги насчитывает несколько веков. Несмотря на это, о биологии тихоокеанского подвида в российском секторе Арктики до сих пор известно очень мало. Наибольшее внимание, как самый слабоизученный, привлекает тихоокеанский подвид обыкновенной гаги *Somateria mollissima v-nigrum*, обитающий на территории Дальнего Востока России [1].

Исследования проводились в период с 23 мая по 16 июля 2018 года в дельте р. Апапельгин, Чаунского района Чукотского АО. Для поиска гнезд использовали метод модельных площадок размером 1 км², активные гнезда посещали каждые 10-12 дней, с целью определения судьбы гнезд. Успешными считались гнезда, где вылупился хотя бы один птенец. Каждое обнаруженное гнездо было описано и картировано при помощи GPS, или GPS и рулетки [2]. В данной работе мы использовали данные о 137 гнездах обыкновенной гаги и о 37 гнездах видов-покровителей (таблица 1).

Обыкновенная гага гнездилась поблизости от гнезд зимняка *Buteo lagopus* - 5 колоний, сапсана *Falco peregrinus* - 1 колония, с бургомистра *Larus hyperboreus* - 6 колоний и 2 одиночных гнезда, в смешанных колониях бургомистра и восточно-сибирской чайки *Larus vegae* - 1 колония, полярной крачкой *Sterna paradisaea* - 1 колония. Все гнезда хищных птиц – сапсана и зимняка, располагались на возвышениях антропогенной природы (заброшенные здания, столбы обесточенной ЛЭП и т.д.) высотой от 2 до 7 метров, что позволяло гагам гнездиться непосредственно под ними.

Расстояния между гнездами гаг и видов покровителей колебалось от нескольких десятков сантиметров, до сотни метров. Наименьшее среднее расстояние $15,3 \pm 1,5$ метра было характерно для смешанных колоний с крупными чайками, наибольшее - $57,8 \pm 33,8$ метра, для совместных колоний с крачкой. Применение однофакторного дисперсионного анализа данных