

**Вторые чтения
памяти академика В.Л. Касьянова**



ВЛАДИВОСТОК, 4-5 АПРЕЛЯ 2011 г.

**Институт биологии моря им. А.В. Жирмунского
ДВО РАН**



Тезисы докладов

ИССЛЕДОВАНИЕ КЛЕТОЧНОГО СОСТАВА ГЕМОЛИМФЫ ДВУСТВОРЧАТЫХ МОЛЛЮСКОВ МЕТОДОМ ПРОТОЧНОЙ ЦИТОМЕТРИИ

А.А. Анисимова

*Дальневосточный федеральный университет, Владивосток
anisan77@mail.ru*

Гемолимфа двустворчатых моллюсков представляет собой защитно-транспортную циркуляторную систему, отвечающую за поддержание гомеостаза и формирование физиологических адаптаций. Основным морфофункциональным клеточным типом гемолимфы *Bivalvia* являются амебоциты, среди которых традиционно выделяют две основные формы – гранулоциты и агранулоциты (гиалиноциты). Соотношение числа гранулярных и агранулярных клеточных форм может иметь существенную внутривидовую вариабельность, которая во многом обусловлена экологическими факторами разного происхождения.

Методом проточной цитометрии с помощью показателей двух видов светорассеяния – прямого (FSC) и бокового (SSC) определяли состав клеточной популяции гемолимфы *M. kurilensis*. FSC используется как выражение клеточных размеров, в то время как SSC отражает степень внутренней неоднородности цитоплазмы.

Цитометрический анализ показал, что у большинства исследованных особей гемоциты четко распределялись по размерам и степени зернистости цитоплазмы на три морфотипа: 1) малые агранулярные клетки; 2) клетки средних и крупных размеров с низкой или умеренной зернистостью; 3) высокозернистые клетки разных размеров. У некоторых особей отчетливого группирования клеток не наблюдалось, что может быть связано с появлением большого количества переходных клеточных форм. Данные проточной цитометрии подтверждаются результатами микроскопического анализа.

Пропорция гемоцитов разных морфотипов различалась у животных из двух популяций с разным уровнем антропогенной нагрузки – б. Киевка и Амурского залива. У модиолусов из б. Киевка доля гранулоцитов всегда превышала 50 % и в среднем составляла $58,6 \pm 2,1$ % с максимальным значением 70 %, в то время как у особей из Амурского залива содержание гранулоцитов варьировало от 30 до 60 % со средним значением $48,6 \pm 2,9$ %.

Считается, что гиалиноцит представляет более молодую клеточную форму, которая в ходе дифференцировки последовательно созревает в гранулоцит. Исходя из этого, можно предположить, что в условиях повышенного стрессового воздействия и повреждения тканей возрастает уровень пролиферативной активности гемоцитов и, как следствие, повышается доля молодых агранулярных клеток. С другой стороны, снижение количества зрелых гранулоцитов в циркуляции может быть связано с их миграцией в ткани для вовлечения в процесс фагоцитоза поврежденных клеток.

ПЛУТЕУСЫ МОРСКИХ ЕЖЕЙ И ОФИУР: НАСКОЛЬКО ГЛУБОКО ИХ СХОДСТВО. УЛЬТРАСТРУКТУРНОЕ И ИММУНОХИМИЧЕСКОЕ ИССЛЕДОВАНИЕ.

Л.А. Глизнуца

*Институт биологии моря им. А.В. Жирмунского ДВО РАН, Владивосток
lyubovgliznutsa@mail.ru*

1. Многообразие личиночных форм и типов развития иглокожих – это не только интересный материал для биологов, изучающих развитие, но и сложный вопрос, ставящий в тупик эволюционистов. Иглокожие – это один из немногих типов беспозвоночных, в котором эволюция личинок шла независимо от эволюции взрослых форм. Одна из загадок иглокожих - возникновение личинок со скелетом только в двух классах - у морских ежей и офиур, которые

не являются по данным молекулярно-генетического анализа сестринскими группами. Как и почему возникли сходные личиночные формы - плутеусы, которые не так успешно фильтруют водоросли и более «ранимые» по сравнению с другими личинками иглокожих? На этот вопрос может помочь ответить сравнительное морфологическое исследование личинок двух классов.

2. Насколько похожи плутеусы?

Скелет у плутеусов закладывается по-разному: у морских ежей уже на стадии 32 бластомеров обособляется линия скелетогенных клеток, у офиур позже. Формирование личиночного скелета у офиур начинается в двух центрах, а у морских ежей формируется 5-6 таких центров. У офиоплутеуса формируется 4 пары рук, а у эхиноплутеуса до 6 пар.

Ультраструктура желудочно-кишечного тракта, локомоторного ресничного шнура, скелетогенных клеток, амебоцитов у плутеусов практически идентична.

У офиоплутеусов отсутствуют пигментные клетки и их функцию, возможно, частично берут на себя склероциты.

Нервная система личинок иглокожих включает серотонинэргический апикальный орган, два подглоточных ганглия и пилорическое кольцо. У эхиноплутеусов все нейроны апикального органа сконцентрированы в биполярном ганглии, от которого вдоль ресничных шнуров отходят аксоны, а у офиоплутеуса формируются две латеральные некомпактные цепочки нейронов.

По-разному происходит метаморфоз у плутеусов. Образование амниотической полости для «вынашивания» зачатка ювенильного ежа – одно из последних «изобретений» эхиноплутеусов, у личинок более «примитивных» морских ежей, как и у офиур амниона нет.

3. Как возникли плутеусы?

Многие эволюционисты считают, что исходной формой развития было прямое, а личинка возникла как надстройка к развитию. Предполагается, что вследствие мутаций, целые группы генов стали экспрессироваться на ранних стадиях развития, что привело к ранней дифференцировке клеток и возникновению личиночного желудочно-кишечного тракта, ресничного шнура и...скелета. Возникновение скелета и сходство плутеусов является поразительным примером параллелизма на довольно высоком таксономическом уровне.

ГЕНЕТИЧЕСКАЯ СТРУКТУРА ПОПУЛЯЦИЙ МОРСКОГО ЕЖА *STRONGYLOCENTROTUS INTERMEDIUS* ИЗ СЕВЕРО-ЗАПАДНОЙ ЧАСТИ ЯПОНСКОГО МОРЯ В СВЯЗИ С РАЗЛИЧНЫМИ СРОКАМИ НЕРЕСТА

Н.И. Заславская¹, М.А. Ващенко¹, П.М. Жадан²,

¹Институт биологии моря им. А.В. Жирмунского ДВО РАН, Владивосток

²Тихоокеанский океанологический институт им. В.И. Ильичева ДВО РАН
nad_zas@mail.ru

Проведено исследование популяционно-генетической структуры морского ежа в поселениях, различающихся сроками нереста: ярко выраженный осенний тип (зал. Восток, б. Киевка и б. Рудная), ярко выраженный раннелетний нерест (Спортивная гавань в Амурском заливе, станция Горностай вблизи городской свалки в Уссурийском заливе) и поселения с двумя пиками нереста - раннелетним и осенним (о-ва Попова и Верховского, б. Подъяпольского, б. Патрокл), используя 7 аллозимных локусов в качестве маркеров генов.

Сравнительный генетический анализ двух групп морских ежей (самок и самцов) из бухт Алексеева и Патрокл, объединенных по признаку «тип нереста» (раннелетний или осенний), не выявил значимых различий между этими двумя группами ($\chi^2 = 49.119$, $p > 0.1$ и $\chi^2 = 43.653$, $p > 0.05$). При сравнении этих двух групп во всей совокупности выборки 2009 г. статистически значимые различия были обусловлены 2 локусами (*Ipp* и *Mpi*) ($\chi^2 = 100.163$, $p < 0.01$). Для уточнения результатов был проведен сравнительный анализ тотальных выборок самок 2009 г., объединенных по признаку «тип нереста» (раннелетний или осенний), поскольку самок с высокой точностью можно отнести к каждой из этих двух групп. Различия между этими группами оказались несущественными ($\chi^2 = 81.394$, $p > 0.05$). Не было выявлено значимых

различий между группами самок, объединенных по признаку «тип нереста», и в 2010 г. ($\chi^2 = 56.191$, $p > 0.05$). В тотальной выборке самок 2009 и 2010 гг. различия между двумя группами самок, объединенными по признаку «тип нереста», достоверны на 0.1% уровне значимости ($\chi^2 = 88.020$, $p < 0.01$). При более высоком уровне значимости (0.01%) эти различия достоверны только по локусу *Mpi*. Таким образом, на данный момент нет оснований утверждать, что принадлежность особи морского ежа к группе с раннелетним или осенним нерестом определяется генетическими факторами.

В ходе исследования были получены несколько неожиданные результаты по пространственной генетической структуре этого вида морского ежа в северо-западной части Японского моря. Не смотря на высокую способность к распространению, поселения в исследованном районе оказались генетически неоднородными. Степень генетической неоднородности не была связана с расстоянием между поселениями (различались даже поселения из одного залива, находящиеся на расстоянии 4 км). Помимо этого была выявлена временная гетерогенность: выборки двух лет из зал. Восток и б. Киевка статистически существенно различались между собой.

СТВОЛОВЫЕ КЛЕТКИ МНОГОКЛЕТОЧНЫХ ОРГАНИЗМОВ: СТРАТЕГИЯ ВЫЖИВАНИЯ И РЕПРОДУКЦИИ

В.В. Исаева

Институт биологии моря им. А.В. Жирмунского ДВО РАН, Владивосток

Институт проблем экологии и эволюции РАН, Москва

vv_isaeva@mail.ru

В эволюции каждого таксона многоклеточных организмов возникла та или иная система стволовых клеток, обеспечивающая устойчивость и гибкость развития и репродукции. Для животных с половым размножением характерно однократное обособление линии половых клеток в эмбриогенезе. Репродуктивные стволовые клетки гаметофита растений неоднократно возникают в течение жизни из стволовых клеток апикальной меристемы побега. У беспозвоночных животных с бесполом размножением плюрипотентные (тотипотентные) стволовые клетки, обеспечивающие и половое размножение, и бластогенез, поддерживаются в течение всей жизни организма или колонии. Итак, клеточной основой клонального морфогенеза животных и растений при бесполом размножении служат стволовые клетки с широким или неограниченным морфогенетическим потенциалом, способные и к гаметогенезу, и к дифференциации во все или многие типы соматических клеток. Нами исследованы стволовые клетки размножающихся бесполом путем представителей пяти типов животных в сравнении с культивируемыми эмбриональными стволовыми клетками мыши, использованными в качестве достаточно изученного «эталона». Показано, что исследованные стволовые клетки обладают эволюционно консервативными чертами морфофункциональной организации, общими с клетками половой линии. Проведено сопоставление стволовых клеток животных и растений, выделены черты сходства и различия их организации. Встраивание бластогенеза в процесс раннего эмбриогенеза (при полиэмбрионии) разрушает эволюционный консерватизм эмбрионального развития. Стволовые клетки тканей и органов поддерживают физиологическую и репаративную регенерацию взрослого организма. Таким образом, системы стволовых клеток обеспечивает выживание и репродукцию всех многоклеточных организмов.

МОДЕЛИРОВАНИЕ БИОЛОГИЧЕСКИХ ФОРМ И ПРОЦЕССОВ С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ МОДЕЛИ КЛЕТОЧНЫХ АВТОМАТОВ.

Ю.А. Каретин

*Институт биологии моря им. А.В. Жирмунского ДВО РАН, Владивосток
yural5cbx@gmail.com*

Клеточные автоматы (Cellular automata) - дискретная модель процессов самоорганизации, в которой на основе задания простых правил взаимодействия между элементами системы (клетками) удаётся смоделировать достаточно сложные процессы и пространственно-временные структуры, исследуемые всем спектром естественных наук, от астрономии до молекулярной биологии. Модель использует лишь локальные взаимодействия между элементами, то есть клетки имеют информацию лишь о своём непосредственном близком окружении, и этой информации достаточно, чтоб сообщество таких элементов смогло воссоздать достаточно сложную и упорядоченную надклеточную макроскопическую структуру. Биология даёт примеры использования клеточных автоматов моделировании развития отдельных органов и эмбриогенеза в целом, регенерации, функционирования иммунной системы и др. Одно из самых классических и эффективных направлений использования данной модели - моделирование поведения клеток и клеточных ансамблей, клеточного конгломератообразования, формирования надклеточных структур. Модель сочетает в себе элемент детерминированности, определяемый правилами межклеточных взаимодействий, элемент хаотичности, присущий и реальным клеткам, и происходящий из хаотичности начального местоположения и неопределённости состояния клеток в популяции, а так же элемент самоорганизации, эффект возникновения глобального упорядоченного паттерна из массы клеток, поведение которых по отдельности воспринимается как хаотичное и не упорядоченное.

ЭВОЛЮЦИОННО-ГЕНЕТИЧЕСКИЕ ИССЛЕДОВАНИЯ С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЕЙ мтДНК: ПРИЛОЖЕНИЯ В ГЕНЕТИКУ ВИДООБРАЗОВАНИЯ И В ОПИСАНИЕ БИОРАЗНООБРАЗИЯ НА СОВРЕМЕННОЙ ОСНОВЕ

Ю.Ф. Картавец

*Институт биологии моря им. А.В. Жирмунского ДВО РАН, Владивосток
yuri.kartavtsev48@hotmail.com*

ДНК митохондрий (мтДНК) – это кольцевая молекула, длиной около 16-18 тысяч пар нуклеотидов. Как показывают литературные данные, мтДНК всех рыб имеет сходную организацию (Lee et al., 2001; Kim et al., 2004; Kim et al., 2005; Nagase et al., 2005; Nohara et al., 2005) и мало, чем отличается и у других позвоночных животных, включая человека (Anderson et al., 1981; Bibb et al., 1981; Wallace, 1992; Kogelnik et al., 2005). Полный состав митохондриального генома (митогенома) включает: контрольный регион (CR или D петля), где сосредоточены сайт начала репликации и промоторы, большая (16S) и малая (12S) субъединицы рРНК, 22 тРНК и 13 полипептидных генов.

Филогенетические исследования обычно используют нуклеотидные последовательности единичных генов, в том числе и генов ядерной ДНК, хотя в последние годы чаще используют для этих целей мтДНК и полный митогеном. Наиболее популярны в филогенетике последовательности генов цитохрома *b* (*Cyt-b*) и цитохром *c* оксидазы 1 (*Co-I*), которые используются для сравнения таксонов на уровне вид – отряд (Hebert et al., 2004; Kartavtsev et al., 2007a,b; Kartavtsev, 2009). Много последовательностей, несущих филогенетический сигнал, получено для разных групп также по гену 16S рРНК. Последовательности отдельных генов могут давать различный филогенетический сигнал из-за различных темпов замен. Это относится и к разным участкам одного и того же гена. Кроме того, при сопоставлении

многочисленных таксонов, особенно высокого ранга, возникают проблемы с эффектами гомоплазии (из-за повторных замен) и недостаточной информационной емкостью наборов последовательностей для филогенетических целей (Hilish et al., 1996). Тем не менее, для идентификации видов, за редкими исключениями, достаточно сравнения даже относительно коротких последовательностей, например фрагмента гена *Co-1* длиной 654 пн, как принято в программе ДНК-штрихкодирования видов, базирующейся на этом маркере.

Проанализированы алгоритмы мер нуклеотидного разнообразия и другие меры генетической дивергенции на молекулярном уровне (Картавец, Ли, 2006; Kartavtsev, 2009; 2011a,b). На основе базы данных по *p*-расстоянию (доля различающихся нуклеотидов) проведено сопоставление генетической дивергенции в популяциях (1) и в таксонах различного ранга, таких как близнецовые виды (2), виды одного рода (3), виды различных родов одного семейства (4) и виды различных семейств одного отряда (5). Эмпирические данные, полученные для 18000-24000 видов позвоночных и беспозвоночных животных, убеждают в реалистичности и интерпретируемости полученных рядов данных, по *p*-расстоянию или его различным дериватам. Данные по *p*-расстоянию выявляют различные и увеличивающиеся уровни генетической дивергенции последовательностей сопоставленных генов *Cyt-b* и *Co-1* в пяти проанализированных группах сравнения. Средние значения расстояний для этих пяти групп равны: *Cyt-b* (1) 1.46 ± 0.34 , (2) 5.35 ± 0.95 , (3) 10.46 ± 0.96 , (4) 17.99 ± 1.33 (5) 26.36 ± 3.88 , и *Co-1* 0.72 ± 0.16 , (2) 3.78 ± 1.18 , (3) 10.87 ± 0.66 , (4) 15.00 ± 0.90 , (5) 19.97 ± 0.80 . Выявляются также различия между самими генами в степени дивергенции на проанализированных уровнях, хотя суммарные средние расстояния по двум генам статистически значимо не отличаются. Это согласуется с многочисленными данными о разной скорости эволюции этих и других генов и их различных участков и неоднородности темпов эволюции. Результаты проведенного анализа нуклеотидной дивергенции, во-первых, хорошо согласуются с другими данными этого рода, включая и белковые маркеры генов и, во-вторых, эти данные позволяют сделать обобщение о том, что в животном мире на молекулярном уровне преобладает филетическая эволюция, а видообразование идет, в основном, по типу *DI* (географическая модель). Преобладание постепенной дарвиновской эволюции и видообразования по типу *DI* не означает отсутствия других способов. Их имеется не менее семи. Распознавание различных способов видообразования это задача, на пути решения которой видится построение количественной генетической модели (теории) видообразования.

«Штрихкодирование жизни» (Barcoding of Life) – это международный проект, организованный в 2004 году и призванный объединить усилия разных специалистов для переописания на современной основе биологического разнообразия на Земле. Разработан специальный комплекс методов, чтобы дать специфическую молекулярную метку, или штрихкод, как это принято для товаров, каждому виду обитающих на Земле животных и растений. По этой метке любой организм, даже поврежденный, сохранившийся в виде фрагмента или находящийся на ювенильной стадии развития, мог бы быть точно определен. Конечная цель проекта – “пометить” все известные и пока неизвестные виды и дать возможность легко определять принадлежность того или иного организма к конкретному виду. Сейчас биологами описано около 1700000 видов животных и растений (не считая микробов). Предполагается, что всего существует не менее 10 млн. видов, то есть большинство их еще не выявлено.

Штрихкодирование на основе ДНК – это мощная, высокоэффективная добавка к морфологическим подходам; идентификация может быть автоматизирована, а анализ распространен на все жизненные стадии и фрагменты организмов. Будут созданы новые коллекции с типовыми (паратиповыми) образцами организмов, с сопровождением их цветными цифровыми фотографиями, спиртовыми коллекциями тканей для последующих повторных анализов (если это необходимо) и доступностью главной информации бесплатно через Интернет любому пользователю. Создание базы данных будет сопровождаться разработкой специальной программы по переустройству на современной основе музейных коллекций, начиная с коллекции музея Института биологии моря им. А.В. Жирмунского ДВО РАН и инкорпорированием данных в мировые базы: BOLD (<http://www.boldsystems.org>) GenBank,

NCBI (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>) и др. Проект имеет огромную актуальность. Глобализация торговли, изменения климата и вызовы по сохранению биоразнообразия делают быструю диагностику видов острой глобальной необходимостью. Большинство музейных коллекций находится в архаичном состоянии, а если они и развиты, то чаще всего доступны лишь узкому кругу специалистов. Точность и скорость описания биоразнообразия остается явно недостаточной. Высок риск, что мы не узнаем о большей части биоразнообразия видов, особенно простейших форм, до того как они вымрут. ДНК-штрихкодирование имеет многочисленные выходы в практику, через идентификацию интродуцентов, регулирование торговли объектами фауны и флоры, контроль продуктов питания и фальсификатов и др.

ГЛАЗ И МЕХАНИЗМЫ ЗРЕНИЯ: НЕКОТОРЫЕ ПРОБЛЕМЫ ЭВОЛЮЦИОННОЙ БИОЛОГИИ РАЗВИТИЯ

С.Л. Кондрашев

*Институт биологии моря им. А.В. Жирмунского ДВО РАН, Владивосток
navodon@rambler.ru*

Со времен формулирования основных положений эволюционной теории Ч. Дарвина гипотезы о возможных путях эволюции световоспринимающих и анализирующих структур и механизмов у животных привлекают неизменное внимание. В докладе будут рассмотрены трудности однозначной трактовки действия механизмов эволюции и адаптации глаза в целом, отдельных его структур и зрительных пигментов у беспозвоночных и рыб.

РОЮЩИЕ ДЕСЯТИНОГИЕ РАКИ ЯПОНСКОГО МОРЯ: БИОРАЗНООБРАЗИЕ, ЖИЗНЕННЫЕ ЦИКЛЫ, РОЛЬ В ЭКОСИСТЕМАХ

Е.С. Корниенко Е.С., О.М. Корн

*Институт биологии моря им. А.В. Жирмунского ДВО РАН, Владивосток
kornielena@mail.ru*

Роющие раки инфраотряда Thalassinidea и креветки семейства Alpheidae (инфраотряд Caridea) – крупные организмы инфауны, строящие убежища в эстуарных или морских осадках. Эти уникальные животные привлекают все большее внимание при исследованиях бентоса мягких грунтов. Общее число видов инфраотряда Thalassinidea достигает 556, причем только с 1998 по 2004 гг. количество описанных видов увеличилось на 40, а количество родов на 16. В основном они встречаются на глубинах от 0 до 20 м, и только представители семейств Axiidae и Alpheidae отмечены глубже. В норах роющих Decapoda часто встречаются симбиотические виды беспозвоночных и даже рыб.

В мировой литературе одно из основных направлений исследования этой группы – изучение биоразнообразия, которое возрастает по направлению к экватору в обоих полушариях. Важным моментом является изучение архитектуры ходов (нор), которая довольно сложна и является видоспецифичной. Исследуют также механизмы питания этих животных, которые различаются в разных семействах. Особое внимание уделено влиянию роющих организмов на процессы осадкообразования и геохимию морского дна.

Фауна роющих десятиногих ракообразных в российских водах Японского моря изучена весьма фрагментарно. Роющие животные обитают глубоко в грунте и крайне плохо улавливаются традиционными орудиями сбора донных организмов. Предварительный анализ показал, что в наших водах встречаются 2 вида раков рода *Axiopsis*, 2 вида рода *Upogebia* и, по крайней мере, 2 вида рода *Nihonotrypaea* (= *Callianassa*), а также 2 вида креветок рода *Alpheus*, 2 вида рода *Betaeus* и один вид рода *Athanas*. В некоторых районах залива Восток плотность популяции *Nihonotrypaea japonica* составляет 250–400 экз/м², что делает этот вид одним из самых массовых.

В прибрежных водах Японии наиболее детально изучены размножение и жизненный цикл представителей семейств *Callianassidae* и *Upogebiidae*, который характеризуются разной репродуктивной стратегией. *N. japonica*, продолжительность жизни которой составляет 2–3 года, достигает половозрелости в первый год жизни и нерестится два раза в год. В отличие от нее *Upogebia major* созревает на третий год жизни и размножается только один раз в год. Таким образом, основные затраты энергии *Upogebia* направлены на рост и выживание, а *Nionothrypaea* на быстрое размножение. По данным планктонных съемок, в Уссурийском заливе преобладают личинки рода *Nihonothrypaea*, а в Амурском – рода *Upogebia*

СТВОЛОВЫЕ КЛЕТКИ: МОЛЕКУЛЯРНЫЕ ОСНОВЫ ПЛЮРИПОТЕНТНОСТИ И ЯДЕРНОГО РЕПРОГРАММИРОВАНИЯ

Н.А. Одинцова

*Институт биологии моря им. А.В. Жирмунского ДВО РАН, Владивосток
nelodin@mail.ru*

В обзоре основное внимание уделено основным свойствам стволовых клеток различных организмов и факторам транскрипции, участвующих в поддержании состояния "стволовости". Обсуждаются экспериментальные доказательства участия этих факторов в процессах репрограммирования дифференцированных клеток.

СТРУКТУРНАЯ ОРГАНИЗАЦИЯ И СВЯЗИ ГАНГЛИОЗНЫХ КЛЕТОК СЕТЧАТКИ ПОЗВОНОЧНЫХ

И.И. Пущин

*Институт биологии моря им. А.В. Жирмунского ДВО РАН, Владивосток
pushchin@imb.dvo.ru, pushchin@yahoo.com*

1. Выполнен комплексный анализ морфологии ганглиозных клеток сетчатки (ГКС) саламандры *Notophthalmus viridescens*. Клетки окрашивали методом прижизненного ретроградного мечения пероксидазой хрена, наблюдали и изучали на тотальных препаратах сетчатки методами световой микроскопии. Шестьдесят восемь клеток с наиболее полно прокрашенными дендритными деревьями были зарисованы для количественного анализа. На основе полученной выборки был оценён 21 параметр структурной организации клеток. Методами кластерного анализа в сочетании с автоматическим взвешиванием переменных и факторным анализом выделено семь кластеров, ассоциированных с клеточными типами. Средние силуэты кластеров варьировали от 0.52 до 0.79, что свидетельствует о выраженной кластерной структуре. Ранговый дисперсионный анализ с *post hoc* тестами Манна-Уитни выявил достоверные межкластерные различия по одной или более переменным ($P \leq 0.05$). Предложенная классификация сопоставлена с известными морфологическими и физиологическими системами ГКС саламандр.

2. На примере бурого терпуга *Hexagrammos octogrammus* впервые исследована синаптическая организация одного из типов ганглиозных клеток сетчатки рыб — биплексиформных клеток. Установлено, что в дистальной сетчатке биплексиформные клетки образуют синаптические контакты с фоторецепторами. Отростки биплексиформных клеток формируют центральный постсинаптический элемент в составе инвагинационных синаптических комплексов (триад) как палочек, так и колбочек. Ранее нами было показано, что биплексиформные клетки исследованных видов рыб проецируются в крышу среднего мозга. С учётом этого настоящие результаты доказывают наличие у рыб ранее неизвестного моносинаптического пути передачи зрительной информации (фоторецепторы — биплексиформные клетки — нейроны крыши среднего мозга). Этот путь может быть задействован в поведенческих актах, требующих быстрого запуска визуо-моторных рефлексов.

УЧАСТИЕ ГАЗОТРАНСМИТТЕРОВ В ФИЗИОЛОГИИ ЦНС РЫБ

Е.В. Пушина

*Институт биологии моря имени А.В. Жирмунского ДВО РАН, Владивосток
puschina@mail.ru*

В настоящее время появляется все больше доказательств использования позвоночными разнообразных путей передачи сигналов в регуляции гомеостаза. Существенную роль в этом процессе играют молекулы оксида азота (NO) и сероводорода (H₂S). Преобразование сенсорных сигналов, поступающих от различных рецепторов, обеспечивает быструю передачу к центральному звену и формирование адекватной реакции организма, в ответ на внешний стимул. Межклеточная медиаторная сигнализация в нейронных цепях мозга сопряжена с парасинаптической, при которой ключевую роль играют газотрансмиттеры.

В работе рассматриваются взаимоотношения в системах классических нейромедиаторов (катехоламинергической, холинергической, ГАМК-эргической) и газотрансмиттеров (оксида азота и сероводорода) в ЦНС костистых рыб.

У морских рыб – фолиса *Pholis nebelosis*, опистоцентра *Pholidapus dybowskii*, терпуга *Hexagramus octogrammus* и пресноводного карася *Carassius carassius* было установлено участие NO в модуляции сомато- и висцеросенсорных холинергических ядер продолговатого мозга. У представителя карпообразных горчака *Rhodeus sericeus* выявлено наличие нитроксидергической модуляции в крупных катехоламинергических нейронах заднетуберальной области, формирующих восходящие проекции в область вентрального теленцефалона (стриатума). Исследование распределения NO- и H₂S-продуцирующих нейронов и волокон в различных областях головного мозга симы *Oncorhynchus masou* показало, что данные газотрансмиттерные системы представляют отдельные, не перекрывающиеся между собой нейронные комплексы, выполняющие специализированные функции в работе местных нейронных сетей. В каудальных крупноклеточных системах среднего и продолговатого отделов мозга симы обнаружена коррегионализация фермента синтеза сероводорода (цистатинин β-синтазы), ГАМК и паравальбумина. Сероводород в клетках этого типа может выступать в качестве модулятора ГАМК-ергической трансмиссии, а наличие в них паравальбумина свидетельствует о высоком уровне энергетического метаболизма и/или высокой электрической активности.

БИОЛОГИЯ РАЗМНОЖЕНИЯ ПОЛИХЕТ (ANNELIDA)

В.И. Радашевский

*Институт биологии моря им. А.В. Жирмунского ДВО РАН, Владивосток
radashevsky@gmail.com*

Родственные отношения и классификация аннелид являются объектом интенсивного изучения в последнее десятилетие. Применение конфокальной микроскопии и молекулярного анализа позволило получить новые данные, на основании которых с применением филогенетического анализа предложен ряд новых гипотез о родственных отношениях в этой группе. В докладе обсуждаются результаты последних исследований и современные гипотезы об эволюции аннелид, их гамет и личиночного развития. Подробно рассматривается гипотеза об эволюции размножения, происхождении заботы о потомстве и нитевидных спермиев в одном из наиболее многочисленных и разнообразных семейств кольчатых червей – Spionidae.

КОЛОНИАЛИЗМ И ПРОИСХОЖДЕНИЕ КОРНЕГОЛОВЫХ РАКООБРАЗНЫХ (CRUSTACEA: CIRRIPIEDIA: RHIZOCERHALA)

А.В. Рыбаков

*Институт биологии моря имени А.В. Жирмунского ДВО РАН, Владивосток
avrybakov@mail.ru*

Корнеголовые – небольшая группа ракообразных, близких к свободноживущим Cirripedia. Все Rhizocerphala – паразиты других ракообразных, преимущественно декапод. Характерная черта этой группы – исключительно далеко зашедшая морфофизиологическая дегенерация с утратой всех основных признаков артроподного плана строения. Все корнеголовые имеют сложные жизненные циклы с несколькими морфологически различными личиночными стадиями и неоднократным метаморфозом. Rhizocerphala уникальны среди Arthropoda, поскольку это единственная группа членистоногих, имеющая настоящие колонии с чередованием полового и бесполового размножения (метегенез). Даже так называемые «одиночные виды» представляют редуцированные колонии, состоящие из двух индивидуумов: внутренней почкующейся корневой системы (или интерны) и внешнего модуля, размножающего половым путем (или экстерны). Мы предполагаем, что первые корнеголовые возникли в Силуре как эндопаразиты древних примитивных декапод, которые, по некоторым предположениям, были мелкими животными с тонкими покровами. Их образ жизни был похож на таковой у современных паразитических изопод сем. Entoniscidae. Первые колонии возникли в промежутке от среднего Девона до среднего Карбона, после появления крупных плавающих Decapoda с тонким панцирем и после того, как эндопаразитические предки современных корнеголовых уже претерпели существенную морфофизиологическую дегенерацию. Редуцированные саккулиноподобные колонии могли возникнуть как особая жизненная форма, не раньше раннего Триаса, с началом быстрой дивергенции Brachyura (их современных хозяев). Наиболее ранние более или менее достоверные окаменелости (феминизированные крабы) описаны из Каменноугольного периода.

ИСТОРИЯ ИНДУСТРИИ ПУБЛИЧНЫХ АКВАРИУМОВ

В.М. Серков

*Институт биологии моря им. А.В. Жирмунского ДВО РАН, Владивосток
serkov_vm@mail.ru*

В докладе представлена история развития публичных аквариумов, начиная с 1840 г., когда в Великобритании широкой публике был впервые представлен аквариум в современном понимании этого слова. Дается краткий обзор современного состояния мировой индустрии публичных океанариумов.

НАУЧНОЕ И НЕНАУЧНОЕ В ВЕКОВОЙ ИСТОРИИ ИЗУЧЕНИЯ ЗАПИРАТЕЛЬНОЙ ФУНКЦИИ МЫШЦ BIVALVES

Н.С. Шелудько

*Институт биологии моря им. А.В. Жирмунского ДВО РАН, Владивосток
sheludko@stl.ru*

Запирательная функция, запирательный тонус, catch contraction – разные названия уникального свойства, которым обладают только гладкие мышцы двустворчатых моллюсков. Свойство заключается в том, что в случае опасности моллюск быстро смыкает створки и способен длительное время поддерживать их в этом состоянии при небольшой затрате энергии. Явление

яркое и необычное, замечено давно - первая известная научная статья на эту тему датирована 1862 годом. История изучения запирающего тонуса интересна сама по себе, это не только прямолинейное, логически выверенное движение, в котором чередуются стадии накопления фактов и их обобщения. Она также включает случайности, ошибки, влияние индивидуальных особенностей исследователей и зависимость интерпретации экспериментальных данных от существующих парадигм. Интересно, что использование молекулярно-генетических подходов при исследовании механизма catch не приводит к локализации структур, вовлеченных в этот механизм. Не исключено, что некоторые мышечные функции не имеют конкретной локализации, являясь рассредоточенными.

БИОЛОГИЯ РАЗМНОЖЕНИЯ ТИХООКЕАНСКОЙ УСТРИЦЫ *CRASSOSTREA GIGAS*

О.В. Юрченко

*Институт биологии моря им. А.В. Жирмунского ДВО РАН, Владивосток
olyurchenko@yandex.ru*

В докладе пойдет речь об истории исследования тихоокеанской устрицы и о современных сведениях о размножении этого двустворчатого моллюска - важнейшего мирового объекта аквакультуры. Рассматриваются гонадные циклы и сроки размножения в различных регионах, морфология и ультраструктура половых клеток, межвидовая гибридизация и механизмы, лежащие в основе формирования репродуктивных барьеров.

ДВА В ОДНОМ:

КАКИМ ОБРАЗОМ В ЕДИНСТВЕННОМ СЕМЕННИКЕ НЕМАТОДЫ ОДНОВРЕМЕННО РАЗВИВАЮТСЯ ДВА ТИПА СПЕРМАТОЗОИДОВ?

В.В. Юшин

*Институт биологии моря им. А.В. Жирмунского ДВО РАН, Владивосток
vvyushin@yandex.ru*

Сперматозоиды нематод относят к так называемому аберрантному типу, они не имеют аксонемы, акросомы, а в большинстве случаев и ядерной оболочки. В сперматогенезе нематод формируются аберрантные органеллы, которые не встречаются в клетках других многоклеточных – мембранные органеллы (МО) и волокнистые тела (ВТ). Типы сперматогенеза, определяемые по развитию аберрантных органелл, помогают верификации современных систем нематод, построенных на генетических данных. Не менее интересен также недавно исследованный феномен диморфизма сперматозоидов нематод. Показано, что в эволюции диморфизм мужских гамет возникает независимо как у свободноживущих, так и паразитических групп, при этом биологический смысл диморфизма уникален в каждом случае. Формирование диморфных сперматозоидов также происходит по-разному. У паразитической нематоды *Deladenus* sp. (Rhabditida) разные сперматозоиды формируются в семенниках самцов различных фаз жизненного цикла. У морской нематоды *Terschellingia glabricutis* (Monhysterida) каждый из двух семенников формирует свой тип сперматозоидов. Есть случаи формирования диморфных сперматозоидов нематодами, самцы которых имеют только один семенник. Рассказ пойдет об электронно-микроскопическом исследовании сперматогенеза у двух таких нематод.

1. *Bathylaimus australis* (Enoplida). У этой морской нематоды два типа сперматоцитов чередуются в цепочке, которую они формируют в трубке единственного семенника. Каждый из типов формирует свой клон сперматид, а затем кластер сперматозоидов. Относительно крупные и, по-видимому, фертильные сперматозоиды имеют нормальное ядро с ядерной оболочкой и типичный набор органелл. Нефертильные мелкие сперматозоиды лишены ядра и, по-видимому, играют какую-то экзотическую роль в физиологии осеменения.

2. *Steinernema abbasi* (Rhabditida). У этой паразитической нематоды два типа диморфных сперматозоидов, мегасперматозоиды и микросперматозоиды, также формируются в единственном семеннике и объединяются в сперматоцейгмы. Сперматозоиды каждой сперматоцейгмы являются потомками одного клона, который отпочковывает множество микросперматид и одну мегасперматиду, объединенные одним резидуальным телом. После цитотомии микросперматозоиды покрывают поверхность братского мегасперматозоида, формируя подвижную сперматоцейгму.



**В.Л. Касьянов,
выступление в прениях на семинаре. 2004 г.**