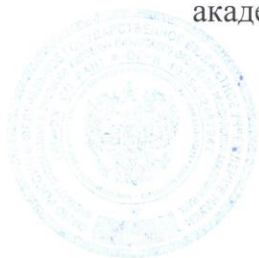


«УТВЕРЖДАЮ»

Заместитель директора Института систематики и экологии животных Сибирского отделения Российской академии наук, д.б.н., Лев Гургенович Вартапетов



A handwritten signature in blue ink, which appears to be 'L. Gurgenov', written over the printed name.

« 22 » января 20 19 г.

ОТЗЫВ

ведущей организации – Федерального государственного бюджетного учреждения науки «Институт систематики и экологии животных Сибирского отделения Российской академии наук» на диссертацию

Коваленковой Марии Владимировны

«Анализ эволюции богатых видами групп байкальских беспозвоночных на основании последовательностей интронов генов α - и β -субъединиц АТФ-синтазы», представленную на соискание степени кандидата биологических наук по специальности 03.02.07 - «генетика» в диссертационный совет Д 003.011.01, созданного на базе ФГБНУ «ФИЦ Институт цитологии и генетики СО РАН» по адресу: Новосибирск, 630090, пр. академика Лаврентьева 10

Диссертация Коваленковой Марии Владимировны представляет оригинальную попытку исследовать особенности эволюции нуклеотидных последовательностей интронов генов α - и β -субъединиц АТФ-синтазы и на этой основе предложить филогенетический сценарий для избранных групп байкальских беспозвоночных животных.

Озеро Байкал не просто крупнейшее пресное озеро, а своего рода естественная лаборатория, в которой относительно быстро эволюционировали многие группы беспозвоночных животных, сформировав беспрецедентное биологическое разнообразие эндемичных форм. Комплексный подход к реконструкции естественной истории полихет, моллюсков и амфипод с помощью сравнения филогенетических деревьев, построенных на основе анализа морфологии, использования нуклеотидных последовательностей, несомненно имеет существенное значение для понимания форм и темпов эволюции биоты в уникальном

биоценозе. Особую **Актуальность** предпринятому исследованию придаёт то обстоятельство, что, в настоящее время в литоральной зоне озера Байкал отмечается интенсивная антропогенная трансформация бентосных сообществ, которая может привести к непредсказуемым изменениям в экосистеме озера. Исследование скорости нуклеотидных замен в маркёрных участках генома ключевых агентов круговорота органических веществ в Байкале и построению на этой основе филогенетического сценария не только на видовом, но и на популяционном уровне обладает прогностическим потенциалом для разработки эффективной стратегии взаимодействия человека и биоты Байкала.

Структура диссертации. Диссертация имеет традиционную структуру и состоит из оглавления, обзора литературы, материалов и методов, результатов и их обсуждения, заключения, выводов, списка литературы (190 источников на русском и иностранных языках) и приложения. Работа изложена на 137 страницах, содержит 9 таблиц и 42 рисунка.

Во **Введении** автор чётко формулирует актуальность темы, цель и задачи исследования, новизну подходов к достижению поставленной цели. В этом же разделе взвешенно подчёркивается теоретическая и практическая значимость работы, обосновывается актуальность и научная новизна исследования, приводятся основные положения, выносимые на защиту диссертации. Здесь же отражена апробация работы, объём и структура диссертации.

Анализ этого раздела диссертации позволяет сделать вывод, что поставленная цель и сформулированные задачи связаны с необходимостью решения актуальной научной проблемы, а полученные результаты работы уже прошли апробацию на международных и российских научных конференциях, отражены в публикациях.

Глава 1 (Обзор литературы) посвящена анализу особенностей формирования фауны древних озёр вообще и макрорзообентоса Байкала в частности, описанию способов выяснения микроэволюционных процессов и места молекулярных исследований в реконструкции естественной истории той или иной группы животных. Особое внимание уделено описанию возможностей и перспектив использования интронов, как маркёров филогенетических отношений. Результаты аналитического обзора литературы дают полное представление о современном состоянии

исследования макрозообентоса Байкала, о возможностях и перспективах молекулярных методов в систематике и филогении беспозвоночных животных. Анализ литературы позволил автору убедительно обосновать оригинальность исследовательской цели, ориентированной на изучение эволюции нуклеотидных последовательностей интронов генов α - и β -субъединиц АТФ-синтазы и построению филогении байкальских беспозвоночных животных на этой основе. Такой подход отличает предпринятое исследование от большинства других, в которых решение о филогенетических взаимоотношениях в той или иной группы принималось на основе анализа других молекулярных маркёров.

Что касается структуры обзора литературы, то он кажется не вполне логичным, так как разделы, посвящённые описанию особенностей формирования фаун древних озёр и формированию макрозообентоса озера Байкал, оказались разобщены разделами об интронах и их значения для реконструкции филогенетических отношений беспозвоночных животных. Впрочем, принятая автором структура литературного обзора не мешает восприятию оригинальной и интересной информации о формировании цели исследования и способов её достижения.

Глава 2 (Материалы и методы) посвящена обзору материалов и методов, положенных в основу диссертационного исследования. Из этой главы видно, что для достижения поставленной цели была использована оригинальная коллекция байкальских беспозвоночных животных, которые были отловлены и хранились специально для предпринятого исследования. В этом разделе полно представлен весь арсенал морфологических, молекулярно-биологических, статистических и биоинформатических методов необходимых и достаточных для достижения цели и решения задач исследования, обоснования научных положений и заключительных выводов диссертации.

Глава 3 (Результаты и обсуждение). Структура этого раздела диссертации соответствует задачам, поставленным для достижения главной цели исследования, и состоит из трёх частей, соответствующих филогенетическому анализу трёх групп исследованных беспозвоночных животных: амфипод, моллюсков и полихет. Каждый из разделов построен по единому общему принципу: филогенетический анализ исследуемых видов на основе интронов, сравнительный анализ полученных результатов с

филогенетическим анализом, основанном на митохондриальных маркерах, и совместное обсуждение всех полученных данных. Для анализа биологического разнообразия моллюсков были привлечены морфологические данные.

В результате проведенной работы было установлено, что нуклеотидные последовательности интронов генов α и β -субъединиц АТФ-синтазы являются информативными маркерами относительно быстрых эволюционных процессов у различных групп эндемичных байкальских беспозвоночных: амфипод надсемейства *Gammaoidea* и моллюсков подсемейства *Baicaliinae*. Сравнение эволюционного дерева исследованных полихет, с известным митохондриальным деревом показало, что достоверные различия между ними соответствуют различиям, ожидаемым при неполном разделении предковых линий. Показано также, что топология дерева моллюсков подсемейства *Baicaliinae*, построенного на основании нуклеотидных последовательностей интрона гена α -субъединицы АТФ-синтазы, отличается от топологии митохондриального дерева что может указывать на митохондриальные интрогрессии у этих моллюсков в Байкале. Впервые в результате совместного использования морфологических и молекулярных признаков получено полностью дихотомическое дерево моллюсков подсемейства *Baicaliinae*. Это позволило обосновать выделение нового для мировой фауны и эндемичного для Байкала вида этого подсемейства *Pseudobaikalia michelae* Sitnikoiva, Kovalenkova.

Таким образом, использование маркёров на основе интронов ядерных генов α - и β -субъединиц АТФ-синтазы оказалось достаточно информативным не только при исследовании филогенетических взаимоотношений видов, но также и на внутривидовом уровне. Следует также отметить, что использование данных маркеров параллельно с традиционными маркерами митохондриальной ДНК позволило установить более полную картину филогенетических взаимоотношений между исследованными видами в трёх группах беспозвоночных животных Байкала.

Завершают работу семь выводов. Все они корректны, соответствуют цели и поставленным задачам исследования и отражают результаты применения адекватных методических

приёмов. Каждый вывод диссертации соответствует экспериментальным данным.

Поставленная диссертантом **Цель исследования**, ориентированная на исследование эволюции нуклеотидных последовательностей интронов генов α - и β -субъединиц АТФ-синтазы и реконструкцию филогенетических отношений байкальских беспозвоночных животных в полной мере **достигнута автором**. Этому способствовало решение чётко поставленных задач работы и наличие репрезентативных таксономических выборок из популяций байкальских полихет, моллюсков, разноногих раков. На пути решения исследовательских задач, соискателем получены и проанализированы нуклеотидные последовательности интронов генов α и β -субъединиц АТФ-синтазы у различных групп эндемичных байкальских беспозвоночных: амфипод надсемейства Gammaroidea и моллюсков подсемейства Baicaliinae и проведено сравнение полученных результатов с известным митохондриальными филогенетическими деревьями

Научная новизна диссертации обусловлена тем, что впервые на межвидовом и внутривидовом уровнях был охарактеризован полиморфизм интронных последовательностей у избранных групп беспозвоночных Байкала. Анализ полученных результатов показал, что нуклеотидные последовательности интронов генов α - и β -субъединиц АТФ-синтазы по уровню полиморфизма сопоставимы с быстро эволюционирующими генетическими маркёрами, на основании чего была определена разрешающая способность филогенетического анализа и оценка эволюционного возраста анализируемых групп. Молекулярный анализ позволил также обосновать выделение нового вида моллюска подсемейства Baicaliinae — *Pseudobaikalia michelae* Sitnikoiva, Kovalenkova, 2016.

Теоретическая и практическая ценность заключается в получении новых сведений об изменчивости интронных последовательностей на разных таксономических уровнях байкальских полихет, амфипод и моллюсков. Определена разрешающая способность филогенетического анализа на основании интронных маркёров.

Результаты диссертационной работы расширяют уже имеющиеся сведения о механизмах эволюции эндемичных байкальских беспозвоночных. Полученные данные полезны для

проведения таксономической ревизии моллюсков подсемейства Baicaliinae и амфипод надсем. Gammaroidea, а также для моделирования микроэволюционных процессов гибридизации и интрогрессии.

Структура автореферата полно отражает содержание диссертации.

Тем не менее, диссертация не лишена отдельных недочётов. Например, в разных разделах диссертации и автореферата упоминается описание нового вида *Pseudobaikalia michelae* sp.n. Между тем, этот вид был описан в 2016 году при участии автора диссертационного исследования. Поэтому в соответствии с Кодексом зоологической номенклатуры его следует приводить в тексте как *Pseudobaikalia michelae* Sitnikoiva, Kovalenkova.

В автореферате отсутствует раздел, характеризующий степень личного участия автора в получении результатов.

Отмеченные недочёты не повлияли на понимание сути и значимости полученных результатов исследования.

Заключение. Диссертация Коваленковой Марии Владимировны «Анализ эволюции богатых видами групп байкальских беспозвоночных на основании последовательностей интронов генов α - и β -субъединиц АТФ-синтазы», представленную на соискание степени кандидата биологических наук представляет собой законченную научно-исследовательскую работу, выполненную на высоком профессиональном уровне и отвечает паспорту специальности наук по специальности 03.02.07 - генетика. Она хорошо оформлена, иллюстрирована достаточным объёмом рисунков и таблиц и оставляет хорошее впечатление.

По своей актуальности, научной новизне, объёму выполненных исследований и практической значимости полученных результатов, представленная работа соответствует требованиям положения «О порядке присуждения учёных степеней» от 24.09.2013 г. № 842, предъявляемым к диссертациям на соискание учёной степени кандидата наук, а её автор - Коваленкова Мария Владимировна, достойна присуждения искомой степени по специальности 03.02.07 - генетика.

Отзыв составлен доктором биологических наук, зав. лабораторией патологии насекомых ФГБУН «Институт систематики и экологии животных» Сибирского отделения

Российской академии, профессором Виктором Вячеславовичем Глуповым.

Отзыв рассмотрен и обсуждён на межлабораторном заседании ФГБУН «ИСиЭЖ» СО РАН. Присутствовало на заседании 35 человек. Результаты голосования: «за» – 35 человек, «против» – нет (протокол заседания №_19/я2 от 22.01.2019 г.).

Директор Институт систематики и
экологии животных СО РАН, д.б.н.,
профессор  Виктор Вячеславович Глупов

Адрес организации:
630091, г. Новосибирск, 91, ул. Фрунзе, 11
Телефон-факс: +7 (383) 217-09-73
Электронный адрес и телефон составителя отзыва:
Глупов В.В. skif@eco.nsc.ru, тел. +7 (383) 217-09-73

