

ЗАКЛЮЧЕНИЕ ДИССЕРТАЦИОННОГО СОВЕТА Д 003.011.01
НА БАЗЕ ФЕДЕРАЛЬНОГО ГОСУДАРСТВЕННОГО БЮДЖЕТНОГО
НАУЧНОГО УЧРЕЖДЕНИЯ «ФЕДЕРАЛЬНЫЙ ИССЛЕДОВАТЕЛЬСКИЙ
ЦЕНТР ИНСТИТУТ ЦИТОЛОГИИ И ГЕНЕТИКИ СИБИРСКОГО
ОТДЕЛЕНИЯ РОССИЙСКОЙ АКАДЕМИИ НАУК»

ПО ДИССЕРТАЦИИ НА СОИСКАНИЕ УЧЕНОЙ СТЕПЕНИ
КАНДИДАТА БИОЛОГИЧЕСКИХ НАУК

Аттестационное дело № _____

Дата защиты 6 февраля 2019 г. протокол №3

О присуждении Коваленковой Марии Владимировне
ученой степени кандидата биологических наук

Диссертация «Анализ эволюции богатых видами групп байкальских беспозвоночных на основании последовательностей интронов генов α - и β -субъединиц АТФ-синтазы» по специальности 03.02.07 – генетика принята к защите 28.11.2018, протокол № 35, диссертационным советом Д 003.011.01 на базе Федерального государственного бюджетного научного учреждения «Федеральный исследовательский центр Институт цитологии и генетики Сибирского отделения Российской академии наук», (630090, Новосибирск, пр. ак. Лаврентьева, 10). Диссертационный совет Д 003.011.01 утвержден ВАК 15.01.2010, приказ ВАК № 1-7 и переутвержден Министерством образования и науки РФ 11.04.2012 года, приказ № 105/нк.

Соискатель: Коваленкова Мария Владимировна, 1988 года рождения. В 2010 году окончила Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования «Иркутский государственный университет», г. Иркутск.

С 01.11.2010г. по 30.10.2013г. Коваленкова М. В. обучалась в очной аспирантуре ЛИН СО РАН, г. Иркутск, в настоящее время работает в должности младшего научного сотрудника в лаборатории геносистематики

ФГБУН «Лимнологический институт Сибирского отделения Российской академии наук».

Диссертация выполнена в лаборатории геносистематики ФГБУН «Лимнологический институт Сибирского отделения Российской академии наук».

Научный руководитель:

Щербаков Дмитрий Юрьевич – доктор биологических наук, заведующий лабораторией геносистематики ФГБУН «Лимнологический институт Сибирского отделения Российской академии наук», г. Иркутск.

Официальные оппоненты:

1. **Блинов Александр Геннадьевич** – кандидат биологических наук, ведущий научный сотрудник лаборатории молекулярно-генетических систем ФГБНУ «Федеральный исследовательский центр Институт цитологии и генетики Сибирского отделения Российской академии наук», г. Новосибирск.

2. **Лавренченко Леонид Александрович** – доктор биологических наук, профессор, заведующий лабораторией микроэволюции млекопитающих ФГБУН «Институт проблем экологии и эволюции им. А. Н. Северцова», г. Москва.

Оппоненты дали положительные отзывы на диссертацию.

Ведущая организация:

Федеральное государственное бюджетное учреждение науки Институт систематики и экологии животных Сибирского отделения Российской академии наук (ИСиЭЖ СО РАН), г. Новосибирск. В положительном заключении, подписанном и утвержденном директором ФГБУН Института систематики и экологии животных СО РАН, профессором, д.б.н. Глуповым В. В., указано, что «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 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.». Заключение принято на заседании межлабораторного научного семинара ФГБУН «ИСиЭЖ» СО РАН (протокол № 19/я2 от 22.01.2019 г.).

Соискатель имеет всего 13 публикаций, все - по теме диссертации, общим объёмом 41 страница, в том числе 3 статьи, опубликованных в научных рецензируемых изданиях, входящих в международные базы цитирования (Scopus, WoS), 8 тезисов в материалах всероссийских и международных конференций и 2 труда в научных сборниках.

Наиболее значительные статьи по теме диссертации:

1. **Коваленкова М. В.**, Ситникова Т. Я., Щербаков Д. Ю. Генетическая и морфологическая диверсификации гастропод семейства Baicaliidae //Экологическая генетика. – 2013. – Т. 11. № 4. – С. 3-11. (Scopus, РИНЦ).
2. Sitnikova T., **Kovalenkova M.**, Peretolchina T., Sherbakov D. A new, genetically divergent species of Pseudobaikalia Lindholm, 1909 (Caenogastropoda, Baicaliidae) //ZooKeys. – 2016. № 593. – P. 1-14. (Web of Science, Scopus.)

3. Щербаков Д. Ю., **Коваленкова М. В.**, Майкова О. О. Некоторые результаты молекулярно-филогенетических исследований байкальских эндемичных беспозвоночных //Вавиловский журнал генетики и селекции. – 2016. – Т. 20. № 4. – С. 404-407. (Scopus, РИНЦ)

На диссертацию и автореферат поступило 10 отзывов, все положительные. Отзывы прислали:

1. Брыков В. А. – д.б.н., главный научный сотрудник лаборатории генетики Национального Научного Центра им. А.В. Жирмунского ДВО РАН, г. Владивосток;
2. Прозорова Л. А. – к.б.н., ведущий научный сотрудник лаборатории пресноводной гидробиологии Федерального научного центра биоразнообразия наземной биоты Восточной Азии ДВО РАН, г. Владивосток;
3. Трифонов В. А. – к.б.н., заведующий лабораторией сравнительной геномики ФГБУН Института молекулярной и клеточной биологии СО РАН, г. Новосибирск;
4. Адельшин Р. В. – к.б.н., старший научный сотрудник лаборатории природно-очаговых вирусных инфекций Иркутского научно-исследовательского противочумного института Сибири и Дальнего Востока Роспотребнадзора, г. Иркутск;
5. Тимофеев М. А. – д.б.н., директор Научно-исследовательского института биологии ФГБОУ ВО Иркутского государственного университета, г. Иркутск;
6. Бельков В.И. – к.б.н., младший научный сотрудник лаборатории генетической инженерии растений и Константинов Ю. М. – д.б.н., заведующий лабораторией генетической инженерии растений ФГБУН Сибирский Институт Физиологии и Биохимии Растений СО РАН, г. Иркутск;
7. Абрамсон Н. И. – к.б.н., ведущий научный сотрудник ФГБУН

Зоологический институт РАН, г. Санкт-Петербург;

8. Мюге Н.С. – к.б.н., начальник отдела молекулярной генетики ФГБНУ «Всероссийский научный институт рыбного хозяйства и океанографии», г. Москва;
9. Политов Д. В. – д.б.н., заведующий лабораторией популяционной генетики им. акад. Ю. П. Алтухова ФГБУН Института общей генетики им. Н. И. Вавилова РАН;
10. Алешин В. В. – д.б.н., ведущий научный сотрудник отдела эволюционной биохимии НИИ физико-химической биологии им. А. Н. Белозерского МГУ.

Выбор официальных оппонентов и ведущей организации обосновывается тем, что официальные оппоненты являются компетентными специалистами в области генетики, имеют публикации в ведущих биологических журналах и дали свое письменное согласие быть оппонентами. Ведущая организация является одним из ведущих Институтів в нашей стране по изучению биологии популяций и сообществ.

Диссертационный совет отмечает, что на основании выполненных соискателем исследований предложены генетические маркеры для анализа микроэволюционных процессов на внутри- и межвидовом уровне у байкальских беспозвоночных различного таксономического ранга на основе последовательностей интронов генов α - и β -субъединиц АТФ-синтазы. Их использование позволило установить новые закономерности формирования видового разнообразия эндемичных байкальских моллюсков, амфипод и полихет, а также обнаружить и описать новый вид байкальских гастропод подсемейства *Baicaliinae* – *Pseudobaikalia michelae* Sitnikova, Kovalenkova, 2016.

Теоретическая значимость исследования обоснована тем, что впервые изучена генетическая изменчивость последовательностей интронов генов α - и β -субъединиц АТФ-синтазы и филогенетические взаимоотношения у трех

групп байкальских беспозвоночных: моллюсков подсем. Baicaliinae, амфипод надсем. Gammaroidea и полихет рода *Manayunkia*, которые различаются по экологическим характеристикам и времени дивергенции. Показано, что уровень полиморфизма нуклеотидных последовательностей интронов генов α - и β -субъединиц АТФ-синтазы у этих групп организмов сопоставим с таковым для известного, быстро эволюционирующего генетического маркера – фрагмента гена митохондриальной цитохромоксидазы (CO1), т.е. интроны обоих генов АТФ-синтазы являются быстро эволюционирующими нуклеотидными последовательностями.

Показано, что топология филогенетического дерева амфипод надсем. Gammaroidea, построенного на основании последовательностей интрона гена β -субъединицы АТФ-синтазы у восьми видов байкальских бокоплавов, сравнима с таковой, построенной на основании митохондриального маркера CO1, т.е. интрон гена β -субъединицы АТФ-синтазы информативен как маркер генетических процессов, протекающих на межвидовом уровне.

Показано, что внутривидовая изменчивость интрона гена β -субъединицы АТФ-синтазы у амфипод *Gmelinoides fasciatus* отражает существование двух генетических линий бокоплава в Байкале, распространение которых соответствует делению озера на две зоогеографические провинции: южную и северную, т.е., интрон гена β -субъединицы АТФ-синтазы информативен также как маркер генетических процессов, протекающих на внутривидовом уровне.

Установлено, что генетические дистанции между подвидами гастропод *Korotnewia semenkewitschii*, установленные на основании полиморфизма интрона гена α -субъединицы АТФ-синтазы, сопоставимы с межвидовыми дистанциями, характерными для байкалийн, т.е. полиморфизм интрона гена α -субъединицы АТФ-синтазы моллюсков является информативным генетическим маркером для изучения микроэволюционных процессов, протекающих на внутривидовом уровне.

Показано также, что несоответствия филогенетических деревьев, построенных на основании нуклеотидных последовательностей интрона гена α -субъединицы АТФ-синтазы и фрагмента гена цитохромоксидазы у полихет рода *Manayunkia*, вероятнее всего, является следствием сохранения предкового полиморфизма, а у моллюсков подсем. *Baicaliinae* – следствием межвидовой гибридизации и интрогрессии.

Значение полученных соискателем результатов исследования для практики подтверждается тем, что доказана перспективность использования генетических маркеров ядерной локализации на основе нуклеотидных последовательностей интронов генов α - и β -субъединиц АТФ-синтазы для анализа микроэволюционных процессов.

Полученные теоретические знания представляют интерес для научно-исследовательских учреждений биологического профиля, изучающих процессы видообразования и эволюции эукариот, в том числе эволюционных процессов формирования уникальной биоты озера Байкал.

Результаты диссертационной работы используются в образовательном процессе при чтении курса лекций «Актуальные проблемы современной генетики» для студентов биолого-почвенного факультета Иркутского государственного университета и входят в учебное пособие «Актуальные проблемы современной генетики: биоинформационные методы анализа биоразнообразия» для бакалавров и магистров биолого-почвенного факультета ИГУ.

Применительно к проблематике диссертации результативно использованы стандартные молекулярно-генетические методы, которые включают выделение тотальной ДНК, ПЦР амплификацию фрагментов ядерной и митохондриальной ДНК, клонирование и электрофорез фрагментов ДНК в агарозном геле, а также определение нуклеотидных последовательностей ядерных маркеров. Для анализа внутривидовой структуры отдельных представителей байкальских беспозвоночных использованы методы статистической обработки данных, включая

дисперсионный анализ, для анализа морфологических признаков моллюсков – метод главных компонент и кластерный анализ, для выявления факторов среды – критерий Фишера, для установления филогенетических отношений – метод максимального правдоподобия и байесовский подход, для построения филогенетических сетей – метод объединения медиан.

Оценка достоверности результатов исследования выявила высокую воспроизводимость полученных результатов и наличие всех необходимых контролей к проводимым экспериментам. Результаты оценки топологий филогенетических деревьев и внутривидовой изменчивости амфипод *Gmelinoide fasciatus* и моллюсков *Korotnewia semenkewitschii* согласуются с имеющимися в литературе гипотезами формирования байкальской фауны.

Все экспериментальные исследования выполнены на современном сертифицированном оборудовании, а полученные результаты статистически обработаны и достоверны. При обсуждении результатов диссертационной работы о внутри- и межвидовом генетическом разнообразии групп байкальских беспозвоночных, учитывались данные, полученные ранее другими исследователями по рассматриваемой тематике.

Личный вклад автора заключается в непосредственном участии в получении исходных данных, планировании и проведении научных экспериментов, обработке и интерпретации экспериментальных данных, участии в апробации результатов исследования и подготовке публикаций. Основные результаты получены автором самостоятельно. Работы по сбору, видовому определению и выделению ДНК байкальских полихет и амфипод *Gmelinoides fasciatus* проведены совместно с сотрудниками лаборатории геносистематики ЛИН СО РАН – Т. А. Пудовкиной и к.б.н. Ж. В. Петуниной; сбор, видовое определение и морфометрический анализ моллюсков подсем. *Baicaliinae* проведен совместно с д.б.н., с.н.с. лаборатории водных беспозвоночных ЛИН СО РАН Т. Я. Ситниковой.

Полученные соискателем научные результаты соответствуют п. 12 «Структурная, функциональная и эволюционная геномика. Генетическая

