

ОТЗЫВ официального оппонента

На диссертационную работу **Сухих Игоря Сергеевича** «Филогенетический анализ видов саранчовых семейств Acrididae и Pamphagidae на основе митохондриальных и ядерных маркеров», представленную на соискание ученой степени кандидата биологических наук по специальности 03.02.07 – «генетика»

Актуальность Диссертационная работа Сухих И.С. посвящена изучению филогенетических взаимоотношений представителей отряда Orthoptera семейств Acrididae и Pamphagidae с помощью молекулярно-генетических методов. Изучение семейства Acrididae представляет помимо всего прочего большой практический интерес, поскольку некоторые его представители, такие как *Locusta migratoria* и *Schistocerca gregaria*, являются опасными вредителями сельскохозяйственных культур. Более того, семейство Acrididae – крупнейшее семейство в подотряде Caelifera и имеет сложную эволюционную историю.

Разработанные на основе морфологических признаков филогенетические модели эволюции данных насекомых не позволяют решить проблемы конвекции и параллелизма, которые возникают на уровне семейств и ниже. Это приводит к спорам и разногласиям между систематиками данной группы насекомых.

Семейство Pamphagidae представляет из себя небольшую группу саранчовых, однако положения некоторых таксонов в ней также вызывают разногласия между систематиками. Кроме того, в семействе Pamphagidae выделяются многочисленные эндемики, таким образом представляя интерес для изучения эволюционной истории данного семейства.

Использование большого количества последовательностей ДНК митохондриального и ядерного геномов представителей исследуемых семейств саранчовых для адекватного филогенетического анализа, несомненно привело к получению актуальных результатов и построению более детального филогенетического дерева.

Научная новизна обусловлена рядом результатов, которые были получены автором впервые:

- В результате филогенетического анализа семейства Acrididae была установлена полифилия для трех подсемейств, ранее считавшихся монофилетичными: Acridinae, Gomphocerinae и Oedipodinae.
- с помощью молекулярно-филогенетического анализа выделены две группы ранга подсемейств, состоящие из видов полифелитичных подсемейств Acridinae, Gomphocerinae и Oedipodinae.
- В результате филогенетического анализа семейства Pamphagidae была установлена полифилетическая природа подсемейства Pamphaginae.
- оказано, что триба Harlotropidini входит в состав подсемейства Thrinchinae, а не Pamphaginae.

Структура диссертации

Диссертация имеет традиционную структуру: оглавление, список сокращений, введение, обзор литературы, материалы и методы, результаты и обсуждение, заключение, выводы и список литературы, который включает 153 источника. Работа изложена на 100 страницах, содержит 16 рисунков, 2 таблицы и 6 приложений.

Введение посвящено обоснованию актуальности проблемы, изучению которой посвящена диссертация, а также определены цели и задачи работы. Приведены основные характеристики работы, научная новизна и теоретическая и практическая значимость исследования.

Обзор литературы содержит подробную информацию о методиках филогенетического анализа с помощью современных биоинформатических подходов, в том числе тех, которые были использованы в настоящей работе. В данной главе также описаны экологические особенности представителей исследуемых семейств саранчовых и истории их изучения.

Материалы и методы посвящены описанию мест и даты сбора природного материала, получению нуклеотидных последовательностей, как из баз данных, так и экспериментально. В данной главе подробно описано построение используемых выравниваний нуклеотидных последовательностей, а также методов филогенетического анализа. Стоит отметить, что в работе использованы несколько современных подходов построения филогенетических деревьев, в совокупности позволяющих сделать более достоверные выводы.

Результаты и обсуждение содержит подробное описание результатов филогенетического анализа представителей семейств Acrididae и Pamphagidae, обсуждается общая картина филогенетических взаимоотношений видов данных семейств. Для семейства Acrididae представлены четыре филогенетических дерева, построенных на основе разных наборов маркерных последовательностей: полные кодирующие митохондриальные последовательности, последовательности ITS2, конкатенированные последовательности митохондриальных генов COI, COII и CytB, а также конкатенированные последовательности митохондриальных генов COI и COII. На основе результатов проведенных филогенетических анализов предложена общая схема филогенетических взаимоотношений между видами семейства Acrididae, а также выделены основные группы видов данного семейства. Сделан вывод о нецелесообразности использования конкатенированные последовательности митохондриальных генов COI и COII для разрешения филогенетических взаимоотношений подсемейств семейства Acrididae.

Наиболее интересным результатом является выявление новых групп видов на уровне подсемейств, состоящих из видов подсемейств Acridinae, Gomphocerinae и Oedipodinae, ранее считавшихся монофилетическими. Три данных подсемейства образуют единый кластер, который разделяется на пять групп. Три группы соответствуют отдельным подсемействам Acridinae, Gomphocerinae и Oedipodinae, однако две другие представляют собой смесь видов данных подсемейств, что указывает на недостатки современной систематики семейства Acrididae.

Семейство Pamphagidae изучено менее подробно. Для его анализа были использованы лишь два набора маркерных последовательностей: последовательности ITS2 и конкатенированные последовательности митохондриальных генов COI и COII. Однако результаты данного анализа позволили обнаружить несоответствия с современной систематикой: роды *Eremopeza* и *Prionotropis* (Thrinchini, Thrinchinae) располагаются отдельно от остальных представителей трибы Thrinchini; триба *Naplotropidini* входит в состав семейства Thrinchinae, а не Pamphaginae; трибы *Tropidauchenini* не входит в состав ни одного из подсемейств. Высказано предположение о том, что триба *Nocarodeini* (Pamphaginae) может иметь статус отдельного подсемейства.

Заключение В «Заключении» приводятся все полученные выводы и предположения в виде коротких тезисов. Также представлена общая схема расположения подсемейств в семействе Acrididae.

Выводы, сделанные по результатам работы, обоснованы и полностью соответствуют задачам, поставленным в исследовании

Замечания

При прочтении диссертации и автореферата у меня возник ряд замечаний:

1. Имеются ошибки в оформлении списка литературы. Для некоторых публикаций не указан журнал.
2. Для филогенетического анализа семейства Acrididae использованы четыре типа статистической поддержки (approximate likelihood ratio test, ultrafast bootstrap, bootstrap «booster» и поддержка по Байесу), тогда как для семейства Pamphagidae только две (approximate likelihood ratio test и ultrafast bootstrap). В диссертации не объяснено почему.
3. На Рис.8 диссертации приведена кладограмма. Строго говоря, не стоит это надывать филогенией (филограммой), поскольку она не содержит информации о длинах ветвей. То же относится и к остальным деревьям на рисунках с 9 по 16;

В качестве обсуждения и рекомендации (не замечания) считаю необходимым отметить, что кладограммы, на которых основаны выводы диссертации И.С.Сухих, получены с помощью современных и хорошо обоснованных методов, реализованных в нескольких программах, главным образом – iqtree, что максимизирует их убедительность для систематики. Но эти деревья представляют собой консенсусы многих, что приводит к возникновению «мягких политомий» в базальных частях деревьев (см рисунки начиная с Рис.10). Полагаю, что работа бы выиграла от применения прямого тестирования гипотез о полифилетичности или монофилетичности интересующих автора клад с помощью каких-либо информационных критериев, которых существует достаточно. Для этого можно при построении деревьев применять топологические ограничения (constraints) и потом использовать, например, отношение значений функции правдоподобия для выбора одной из альтернативных гипотез (полифилия/монофилия). Полагаю, что это значение может вполне заменить собою все дерево в специальных случаях, а иногда и увидеть достоверные детали кладогенеза, теряющиеся при обычном филогенетическом анализе. Это замечание никак не подвергает сомнению выводы работы, скорее оно представляет собой предложение о продолжении этой и подобных ей работ.

Высказанные замечания никак не умаляют научного значения данной работы.

Заключение

Диссертационная работа Сухих И.С. является законченным исследованием, выполненным автором самостоятельно, на высоком научном и методическом уровне. Основные результаты диссертационной работы были представлены на различных конференциях, и опубликованы в рецензируемых журналах из списка ВАК. Заключение и выводы, сделанные по результатам работы, обоснованы и полностью соответствуют задачам, поставленным в исследовании.

Автореферат полностью соответствует основному содержанию диссертации.

Исходя из вышеизложенного, считаю, что диссертационная работа «Филогенетический анализ видов саранчовых семейств Acrididae и Pamphagidae на основе митохондриальных и ядерных маркеров», представленная на соискание ученой степени кандидата биологических наук по специальности «03.02.07 – генетика», полностью соответствует требованиям п.п. 9-14 «Положения о присуждении ученых степеней», утвержденного постановлением Правительства Российской Федерации №842 от 24.09.2013 г., предъявляемым к диссертациям на соискание ученой степени кандидата наук, а ее автор, Сухих

Игорь Сергеевич, заслуживает присуждения ученой степени кандидата биологических наук по специальности «03.02.07 – генетика».

Официальный оппонент
заведующий лабораторией геносистематики
Федерального государственного бюджетного
учреждения науки Лимнологического института
Сибирского отделения Российской академии наук (ЛИН СО РАН)

доктор биологических наук

Щербаков Дмитрий Юрьевич

640033, г. Иркутск, ул. Улан-Баторская, 3

тел. +79248330122

E-mail: sherb@lin.irk.ru

Подпись заведующего лабораторией, д.б.н. Д.Ю. Щербакова
Ученый секретарь ЛИИ СО РАН

ЗАВЕРЯЮ.
к.б.н. Максимова Н.В.

