

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 2 декабря 2020г. протокол № 21

О присуждении Сухих Игорю Сергеевичу
ученой степени кандидата биологических наук.

Диссертационная работа **Сухих Игоря Сергеевича** «Филогенетический анализ видов саранчовых семейств Acrididae и Pamphagidae на основе митохондриальных и ядерных маркеров», представляемая на соискание ученой степени кандидата биологических наук по специальности 03.02.07 – генетика, принята к защите 30.09.2020 года, протокол №17, Диссертационным советом Д003.011.01 на базе Федерального государственного бюджетного научного учреждения «Федеральный исследовательский центр Институт цитологии и генетики Сибирского отделения Российской академии наук», (630090, Новосибирск, пр. акад. 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: Сухих Игорь Сергеевич, 1993 года рождения. В 2015 году окончил Государственное образовательное учреждение высшего профессионального образования «Новосибирский государственный университет», г. Новосибирск.

С 1.10.2015 г. по 30.09.2019 г. обучался в очной аспирантуре ИЦиГ СО РАН, г. Новосибирск, в настоящее время работает младшим научным сотрудником в межинститутской лаборатории молекулярной палеогенетики и палеогеномики Федерального государственного бюджетного научного учреждения «Федеральный исследовательский центр Институт цитологии и генетики Сибирского отделения Российской академии наук».

Диссертационная работа **Сухих И.С.** выполнена в лаборатории молекулярно-генетических систем ФГБНУ «Федеральный исследовательский центр Институт цитологии и генетики Сибирского отделения Российской академии наук».

Научный руководитель:

1. **Блинов Александр Геннадьевич** к.б.н., ведущий научный сотрудник сектора молекулярно-генетических механизмов регенерации «ФИЦ Институт цитологии и генетики СО РАН», г. Новосибирск.

Официальные оппоненты:

1. **Сибатаев Ануарбек Каримович** д.б.н., профессор, с.н.с. Института биологии, экологии, почвоведения, сельского и лесного хозяйства, Национальный исследовательский Томский государственный университет, г. Томск
2. **Щербаков Дмитрий Юрьевич** д.б.н., заведующий лабораторией геносистематики, ФГБУН «Лимнологический институт СО РАН», г. Иркутск

Оппоненты дали положительные отзывы на диссертацию.

Ведущая организация: Федеральный научный центр биоразнообразия наземной биоты Восточной Азии Дальневосточного отделения Российской академии наук (ФНЦ биоразнообразия ДВО РАН), г. Владивосток. В своём

положительном заключении, подписанном главным научным сотрудником лаб. энтомологии, д. б. н., профессором РАН Стороженко С.Ю. и ведущим научным сотрудником лаб. энтомологии, д.б.н., Пономаренко М.Г. и утверждённом чл.-корр. РАН, д.б.н., директором Гончаровым А.А., указало, что «диссертационная работа Игоря Сергеевича Сухих содержит много новых данных, представляет собой заметный вклад в исследование филогении и эволюции саранчовых, существенно расширяет наши знания об этой группе насекомых, и отвечает требованиям ВАК, предъявляемым к кандидатским диссертациям, а ее автор заслуживает присуждения ему ученой степени кандидата биологических наук по специальности 03.02.07 - генетика. Отзыв заслушан и обсужден на заседании лаборатории энтомологии ФНЦ Биоразнообразия ДВО РАН 29 октября 2020 г., протокол №8.»

Сухих И.С. — автор 14 публикаций, по теме диссертации 10 (общим объемом 32 страницы): 3 статьи в рецензируемых научных журналах, входящих в перечень ВАК (2 входят в журналы баз данных Web of Science и Scopus) и 7 тезисов международных российских и зарубежных конференций.

Наиболее значительные статьи по теме диссертации:

1. Sukhikh I., Ustyantsev K., Bugrov A., Sergeev M., Fet V., Blinov A. The Evaluation of Genetic Relationships within Acridid Grasshoppers (Orthoptera, Caelifera, Acrididae) on the Subfamily Level Using Molecular Markers. // *Folia Biologica* (Kraków). 2019. Т. 67. № 3. (Импакт-фактор: 0.724; Web of Science, Scopus)

2. Sukhikh I., Blinov A., Bugrov A. Molecular phylogenetic analysis of subfamilial placement of *Haplotropis* Saussure, 1888 (Orthoptera: Pamphagidae) based on mitochondrial and nuclear DNA markers // *Zootaxa*. 2019. Т. 4551. № 5. С. 530–540. (Импакт-фактор: 0.931; Web of Science, Scopus)

3. Bugrov A., Sukhikh I., Blinov A. Phylogenetic relationships of the Pamphagidae grasshoppers with the neo-XY/neo-XX of sex determination based on the analysis of DNA sequences in COI mitochondrial gene // Euroasian Entomol. J. 2015. T.12 № 5. С. 451–456. (Импакт-фактор РИНЦ: 0,451; РИНЦ)

На диссертацию и автореферат поступило 5 отзывов, все положительные.
Отзывы прислали:

1. Пономаренко М.П. - д.б.н., ведущий научный сотрудник лаборатории эволюционной биоинформатики и теоретической генетики ИЦиГ СО РАН (г. Новосибирск). Замечание: «Замечание: мне не удалось найти в автореферате никаких указаний на то, что в международной базе данных GenBank (как конвенциональном хранилище мировой коллекции генетических маркеров живых организмов) является свободно доступным огромное количество (190 !!!) секвенированных И.С. Сухих уникальных последовательностей митохондриальной и ядерной ДНК для широкого круга видов саранчовых семейств Acrididae и Pamphagidae, что имеет, несомненно, весьма высокую научно-практическую значимость».
2. Новгородова Т.А. - д.б.н., зав. лабораторией экологии беспозвоночных животных ИСиЭЖ СО РАН (г. Новосибирск). Замечание: «Недостатком автореферата можно назвать отсутствие данных о видах, последовательности которых были получены автором самостоятельно. В тексте указано лишь количество видов каждого семейства, для которых были получены последовательности».
3. Соколов В.А. - д.б.н., заведующий лабораторией цитологии и апомиксиса растений ИМКБ СО РАН (г. Новосибирск).
4. Сергеев М.Г. - д.б.н., профессор, заведующий кафедрой общей биологии и экологии НГУ (г. Новосибирск).
5. Локтев В.Б. - д.б.н., профессор, зав. отделом молекулярной вирусологии флавивирусов и вирусных гепатитов ФБУН ГНЦ ВБ "Вектор"

Роспотребнадзора (г. Новосибирск). Замечание: «К сожалению, не удалось обнаружить в автореферате информацию о депонировании митохондриальных нуклеотидных и белковых последовательностей, определенных автором работы, в международные базы данных. Поиск только в базах NCBI показывает, что диссертант депонировал не менее 321 митохондриальных нуклеотидных и белковых последовательностей в этих базах. На мой взгляд, включение небольшого фрагмента с описанием депонированных митохондриальных последовательностей в автореферат существенно усилило бы автореферат».

Выбор официальных оппонентов и ведущей организации обосновывается тем, что официальные оппоненты являются компетентными специалистами в области филогенетики, биоинформатики и молекулярной биологии, имеют публикации в ведущих биологических журналах и дали свое письменное согласие быть оппонентами. Ведущая организация является одним из ведущих Институтов в нашей стране по генетике и экологии.

Диссертационный совет отмечает, что на основании выполненных соискателем исследований доказано, что современная систематика семейств Acrididae и Pamphagidae саранчовых в некоторых аспектах не совпадает с эволюционной историей этих семейств и требует пересмотра в отношении происхождения видов подсемейств Acridinae, Gomphocerinae и Oedipodinae семейства Acrididae, которые ранее считались монофилетическими, статуса триб Noscarodeini и Tropidauchenini семейства Pamphagidae, а также происхождения видов подсемейства Pamphaginae.

Предложены сочетания молекулярных маркеров на основе последовательностей митохондриальных генов цитохромоксидазы COI и COII, цитохрома CytB и межгенного спейсера ITS2 ядерных рибосомных генов, которые позволяют с высокой достоверностью проводить филогенетический анализ видов саранчовых.

Теоретическая значимость исследования обоснована тем, что впервые проведен филогенетический анализ более 300 видов саранчовых, относящихся к семействам Acrididae и Pamphagidae, и **изучена** дивергенция их генов COI, COII, CytB и межгенного спейсера ITS2.

Установлено, что виды подсемейств Acridinae, Gomphocerinae и Oedipodinae семейства Acrididae на уровне отдельных подсемейств образуют пять независимых таксономических кластеров, что свидетельствует об их полифилетическом происхождении. **Показано,** что один из кластеров состоит из видов, большая часть которых представляет трибу Phlaeobini подсемейства Acridinae, и может быть выделен в отдельное подсемейство с названием Phlaeobinae.

Доказано, что виды трех подсемейств Pamphaginae, Thrinchinae и Porthetinae образуют единую группу в пределах семейства Pamphagidae и, следовательно, данное семейство имеет монофилетическое происхождение.

Доказано, что виды подсемейства Pamphaginae имеют разное происхождение, поскольку виды трибы Tropidauchenini образует отдельную ветвь от остальных видов подсемейства, а виды трибы Harlotropidini кластеризуются в группе с видами подсемейства Thrinchinae.

Показано, что трибы Noscarodeini и Tropidauchenini образуют отдельные ветви на уровне подсемейств и могут иметь соответствующий статус, а триба Harlotropidini имеет неправильное систематическое положение.

Значение полученных соискателем результатов исследования для практики подтверждается тем, что впервые установлены нуклеотидные последовательности митохондриальных генов субъединиц цитохромоксидаз COI и COII, цитохрома CytB и рибосомного межгенного спейсера ITS2 в 68 видах семейства Acrididae и в 49 видах семейства Pamphagidae.

Определены наборы молекулярных маркеров, включающие различные сочетания последовательностей митохондриальных генов COI, COII и CytB, которые позволяют с высокой достоверностью и низкими затратами

проводить филогенетический анализ видов настоящих саранчовых, а также видов других таксонов со схожей эволюционной историей.

Полученные результаты позволяют провести корректировку существующей систематики семейств Acrididae и Pamphagidae и могут быть использованы для более точной классификации прямокрылых насекомых, а также для построения моделей эволюционных процессов.

Полученные в ходе диссертационной работы результаты представляют интерес для научно-исследовательских организаций биологического профиля, изучающих вопросы эволюции и филогении животных, и могут быть использованы в образовательном процессе при подготовке специалистов в области общей биологии, молекулярной генетики и биоинформатики.

Применительно к проблематике диссертации результативно использован набор современных методов филогенетического анализа, который позволил выявить наиболее слабые места в систематике саранчовых и предложить способы их корректировки. Для более достоверного определения филогенетических взаимоотношений видов семейств Acrididae и Pamphagidae были применены различные наборы маркеров, содержащие как полные белок-кодирующие последовательности митохондриального генома и конкатенированные последовательности митохондриальных генов COI, COII и CytB, так и ядерные ITS2 последовательности исследуемых видов насекомых. Для построения филогенетических деревьев были применены методы Максимального Правдоподобия и Байеса, реализованные в программах IQ-Tree и MrBayes. Для установления нуклеотидных последовательностей *de novo* были использованы стандартные методы ПЦР и секвенирования по Сэнгеру с использованием праймеров, широко применяемых в подобных филогенетических исследованиях.

Оценка достоверности результатов исследования выявила их высокую надежность, которая основана на использовании для их получения современных методов статистической поддержки, включая aLRT, бутстреп

«UFBoot», поддержку по Байесу и бутстреп «Booster», позволивших с высокой достоверностью определить группы видов саранчовых, которые могут претендовать на статус новых подсемейств, и предложить способы корректировки существующей систематики семейств Acrididae и Pamphagidae. При обсуждении результатов филогенетического анализа широкого спектра различных видов саранчовых учитывались данные по рассматриваемой тематике, полученные ранее другими исследователями. Все экспериментальные исследования проведены на сертифицированном оборудовании и могут быть использованы другими исследователями.

Личный вклад автора состоит в установлении *de novo* нуклеотидных последовательностей митохондриальных и ядерных маркеров для более чем 100 видов семейств саранчовых Acrididae и Pamphagidae, проведении филогенетического анализа видов исследуемых семейств, а также анализе литературных данных и обсуждении полученных результатов. Основные результаты получены автором самостоятельно.

Полученные соискателем научные результаты соответствуют паспорту заявленной специальности 03.02.07 – генетика п. 1. «Молекулярные и цитологические основы наследственности.» и п. 12. «Структурная, функциональная и эволюционная геномика. Генетическая биоинформатика. Геносистематика».

Диссертационным советом сделан вывод о том, что диссертация Сухих И.С. представляет собой законченную научно-квалификационную работу, соответствует критериям п.п. 9-14 «Положения о присуждении учёных степеней», утвержденным постановлением Правительства Российской Федерации от 24 сентября 2013 г. № 842.

На заседании 2 декабря 2020 г. диссертационный совет принял решение присудить Сухих Игорю Сергеевичу учёную степень кандидата биологических наук.

При проведении открытого голосования диссертационный совет в количестве 23 человек (4 принимали участие дистанционно) из них 7 докторов наук по специальности 03.02.07 - генетика, участвующих в заседании, из 27 человек, входящих в состав совета, проголосовали: за – 23, против – нет, недействительных бюллетеней – нет.

Зам. председателя
диссертационного совета,
доктор биологических наук



Н.Б. Рубцов

Ученый секретарь
диссертационного совета,
доктор биологических наук

Т.М. Хлебодарова

02.12.2020 г.