

ОТЗЫВ

**официального оппонента доктора биологических наук
Горбунова Олега Григорьевича на диссертационную работу
Лазаревой Зои Станиславовны «Вариабельность митохондриальных и
ядерных генов у представителей семейства Zygaenidae и её значение для
изучения систематики и филогении данного семейства», представленной
на соискание ученой степени кандидата биологических наук по
специальности 1.5.7. Генетика (биологические науки)**

Актуальность темы исследования

Современные биологические инструменты решили проблему расшифровки любого гена или его участка. Молекулярно-генетические подходы всё больший вес приобретают в решении проблем эволюционной биологии, филогении, таксономии, биосистематики и т.д. Результаты секвенирования ДНК используются в генетике, экологии, биогеографии, охране и сохранении живой природы. Сравнение последовательностей генов или их участков помогает в определении степени филогенетической близости исследуемых таксонов, разграничении видов-двойников, морфологически сходных видов, описании новых таксонов и т. д. Идентификация и разграничение насекомых на уровне видов часто вызывает затруднения, хотя именно они являются основной структурной единицей биологического разнообразия. Сиквенсы стандартизованных участков ДНК в настоящее время – широко используемый инструмент для корректного определения особей на видовом уровне, эти данные применяются при описании новых видов, подродов, родов, для уточнения границ уже имеющихся таксонов.

Семейство Zygaenidae (Пестрянки) является интересной группой из-за обширного разнообразия их ярко окрашенных видов, широкого распространения и специфического механизма защиты (цианогенез). Представители изучаемой являются удобными биоиндикаторами. Некоторые

Zygaenidae являются видами-вредителями сельскохозяйственных культур. К настоящему времени известно более 1000 видов *Zygaenidae*, и это число постоянно увеличивается. Систематика вышеупомянутого таксона динамична, при этом особое внимание в последние годы уделяется и молекулярным признакам.

Исходя из вышесказанного, важным критерием успешности исследования семейства *Zygaenidae* является правильный подбор молекулярных методов с использованием их в комплексе с изучением данных морфологии, биологии и экологии.

Научная новизна исследования

В рамках диссертационного исследования Лазаревой З.С. впервые в мире была создана библиотека ДНК-штрихкодов для 242 видов семейства *Zygaenidae*, представляющих 4 подсемейства *Procridinae*, *Chalcosiinae*, *Callizygaeninae* и *Zygaeninae*, а также расшифрованы соответствующие ДНК-штрихкоду (5'-концу гена цитохромоксидазы (COI)) аминокислотные последовательности (длина составляет 219 аминокислот). Впервые в мире были получены последовательности генов EF-1 α , GAPDH, IDH, MDH, RpS5 и wingless для 33 видов *Zygaenidae*. Показана необходимость сочетанного применения митохондриальных и ядерных маркеров для молекулярно-генетического анализа биоразнообразия.

На основе исследования последовательности гена цитохромоксидазы построены дендрограммы и проанализированы данные, полученные с их помощью, с целью выяснения возможности использования молекулярных признаков для улучшения существующей систематики данного таксона, а также применения этих признаков для разделения криптических видов, выяснения систематического положения некоторых родов, подродов, видов и подвидов семейства *Zygaenidae*.

Теоретическая и научно-практическая значимость исследования

Полученные данные важны для понимания микроэволюционных процессов, происходящих в геноме животных, сведения о несинонимичных заменах позволяют оценить их влияние на функционирование белков. Результаты исследования вносят существенный вклад в область систематики и филогении Zygaenidae. Работа может служить фундаментальной основой для проведения ревизии таксономической структуры семейства Zygaenidae. Результаты диссертационной работы могут быть использованы при чтении курсов лекций для студентов биологических специальностей вузов и для проведения практических занятий.

Обоснованность и достоверность результатов исследования

Достоверность результатов обеспечивается обработкой полученных данных с помощью актуальных статистических методов генетики: ближайшего связывания (Neighbor Joining), метод Кимуры (Kimura 2 parameter). Для построения деревьев и статистической обработки результатов использованы современные компьютерные программы: MEGA 6, DNAsp v.5, BioEdit, Chromas. Для подтверждения результатов исследования приведены табличные данные, дендрограммы, графические данные.

Структура и содержание диссертационной работы

Диссертационная работа изложена на 256 страницах, иллюстрирована 11 рисунками и содержит 34 таблицы в основной части и две таблицы в приложении. Работа имеет стандартную структуру, и состоит из введения, трёх глав, заключения, выводов, списка литературы и трёх приложений. Список литературы насчитывает 310 наименований, из них 262 на иностранном языке.

В разделе «Введение» диссидентом описана актуальность, научная новизна, теоретическая и практическая значимость исследования. В

соответствии с поставленной целью автором четко сформулированы задачи исследования.

Глава «Обзор литературы» представлена на 30 страницах машинописного текста, написана хорошим литературным языком, включает себя разделы, где приведены современные данные о значении молекулярных методов для изучения животных, а также о степени изученности семейства *Zygaenidae* с помощью молекулярно-генетических данных. Представленная информация позволяет получить достаточно полное представление о значимости молекулярно-генетических методов в изучении живых организмов.

Глава «Материалы и методы» включает характеристику исследуемой выборки, подробное описание лабораторных методов молекулярно-генетических исследований, а также характеристики методов статистической обработки результатов.

Глава «Результаты и обсуждение» включает в себя результаты секвенирования участка гена COI для представителей четырех из пяти подсемейств изучаемого семейства. Приведены характеристики полученных последовательностей, а также проанализирована эффективность использования данного участка митоДНК для делимитации особей на видовом уровне. Также обсуждаются ситуации, в которых данные секвенирования участка гена COI вошли в контрадикцию с данными традиционных подходов к систематике таргетной группы. В данной главе приведены также характеристики полученных на основе секвенирования ДНК аминокислотных последовательностей и обсуждаются несинонимичные замены. Также приводятся результаты сочетанного применения данных секвенирования митохондриальной и ядерной ДНК (генов COI, EF-1 α , GAPDH, IDH, MDH, RpS5 и wingless) для разграничения видов. Полученные автором результаты поддержаны надежными статистическими методиками, что позволяет сделать хорошо обоснованные выводы. В разделе «Заключение» автор обобщает полученные результаты и отмечает

необходимость сочетанного применения митохондриальных и ядерных маркеров для уточнения систематики и филогении изучаемого семейства. Выводы в работе четко соответствуют цели и задачам исследования. Следует отметить, что текст диссертации написан хорошим литературным языком и не содержит опечаток или стилистически неудачных выражений. Автореферат полностью отражает основные результаты выполненной диссертационной работы.

Сведения о полноте опубликованных научных результатов

Основные результаты работы опубликованы в печатных работах: пяти статьях, в журналах рекомендуемых ВАК (в том числе две статьи в журналах, индексируемых в базах WoS и Scopus), а также представлены на международных, всероссийских и региональных конференциях, симпозиумах, конгрессах.

Общие вопросы и замечания к работе

В процессе рецензирования возникло замечание к диссертанту:

1. Исходя из большого объема приложений, возможно удачным было бы разделение диссертационной работы на два тома.

Высказанное замечание, однако, не снижает высокой оценки рецензируемой работы.

Заключение

Диссертационная работа Лазаревой Зои Станиславовны «Вариабельность митохондриальных и ядерных генов у представителей семейства Zygaenidae и её значение для изучения систематики и филогении данного семейства», представленная на соискание ученой степени кандидата биологических наук по специальности 1.5.7. Генетика

(биологические науки), является законченной, самостоятельной научно-квалификационной работой, в которой содержится решение актуальной задачи, имеющей большое значение для биологической науки и изучения генетики животных. В частности, получены новые сведения о молекулярно-генетических характеристиках одного из семейств Lepidoptera, а также обсуждается возможный вклад несинонимичных замен нуклеотидов в функционирование белковых молекул. Полученные результаты предполагают интегрированные современные подходы в изучении организмов на молекулярном уровне. Диссертационная работа соответствует требованиям п. 9–11, 13–14 установленным «Положением о порядке присуждения ученых степеней», утвержденным постановлением Правительства Российской Федерации от 24.09.2013 г. № 842, а её автор — Лазарева Зоя Станиславовна заслуживает присуждения ученой степени кандидата биологических наук по специальности 1.5.7. Генетика (биологические науки).

Официальный оппонент:

Ведущий научный сотрудник лаборатории почвенной зоологии и общей энтомологии Института проблем экологии и эволюции им. А.Н. Северцова Российской академии наук, доктор биологических наук

119071, г. Москва, Ленинский проспект, 33.

Тел: +7 (906) 720-71-83

E-mail: gorbunov.oleg@mail.ru

Горбунов Олег Григорьевич/



«01» июля 2022 г.

Согласен на сбор, обработку, хранение и передачу моих персональных данных при работе диссертационного совета 24.1.218.01 по

диссертационной работе Лазаревой Зои Станиславовны «Вариабельность митохондриальных и ядерных генов у представителей семейства Zygaenidae и её значение для изучения систематики и филогении данного семейства»,,, представленной на соискание ученой степени кандидата биологических наук

1.5.7. Генетика (биологические науки).

/Горбунов Олег Григорьевич/

«01» июля 2022 г.

Институт проблем экологии и эволюции им. А.Н. Северцова Российской академии наук, 119071, г. Москва, Ленинский проспект, 33. Тел.: 8 (495) 633-09-22, 8 (495) 952-35-84. E-mail: admin@sevin.ru

