

ЗАКЛЮЧЕНИЕ ДИССЕРТАЦИОННОГО СОВЕТА Д 005.008.01,  
СОЗДАННОГО НА БАЗЕ ФЕДЕРАЛЬНОГО ГОСУДАРСТВЕННОГО  
БЮДЖЕТНОГО УЧРЕЖДЕНИЯ НАУКИ «НАЦИОНАЛЬНЫЙ НАУЧНЫЙ  
ЦЕНТР МОРСКОЙ БИОЛОГИИ» ДАЛЬНЕВОСТОЧНОГО ОТДЕЛЕНИЯ  
РОССИЙСКОЙ АКАДЕМИИ НАУК, ПО ДИССЕРТАЦИИ НА СОИСКАНИЕ  
УЧЕНОЙ СТЕПЕНИ КАНДИДАТА НАУК

аттестационное дело № \_\_\_\_\_

решение диссертационного совета от 03 апреля 2018 г. № 2

О присуждении Маляру Василию Васильевичу, гражданину России, ученой степени кандидата биологических наук.

Диссертация «Сравнительная филогеография четырех видов рыб семейств Salmonidae и Cyprinidae в Японском и Охотском морях» по специальности 03.02.07 – генетика принята к защите 19 декабря 2017 г. (протокол заседания № 9) диссертационным советом Д 005.008.01, созданным на базе Федерального государственного бюджетного учреждения науки «Национальный научный центр морской биологии» Дальневосточного отделения Российской академии наук, 690041, г. Владивосток, ул. Пальчевского, д. 17, приказ Минобрнауки России 105/нк от 11.04.2012 г.

Соискатель Маляр Василий Васильевич, 1989 года рождения. В 2012 году соискатель окончил Федеральное государственное автономное образовательное учреждение высшего профессионального образования «Дальневосточный федеральный университет» по специальности «биология». В 2015 году соискатель окончил очную аспирантуру при Федеральном государственном бюджетном учреждении науки «Национальный научный центр морской биологии» Дальневосточного отделения Российской академии наук, работает в должности младшего научного сотрудника в Федеральном государственном бюджетном учреждении науки «Национальный научный центр морской биологии» Дальневосточного отделения Российской академии наук.

Диссертация выполнена в лаборатории генетики Федерального государственного бюджетного учреждения науки «Национальный научный

центр морской биологии» Дальневосточного отделения Российской академии наук.

**Научный руководитель** – доктор биологических наук, профессор Брыков Владимир Алексеевич, Федеральное государственное бюджетное учреждение науки «Национальный научный центр морской биологии» Дальневосточного отделения Российской академии наук, главный научный сотрудник, научный руководитель лаборатории генетики.

**Официальные оппоненты:**

Радченко Ольга Аркадьевна, доктор биологических наук, Федеральное государственное бюджетное учреждение науки Институт биологических проблем Севера Дальневосточного отделения Российской академии наук, директор

Семенченко Александр Анатольевич, кандидат биологических наук, Федеральное государственное автономное образовательное учреждение высшего образования «Дальневосточный федеральный университет», старший преподаватель кафедры биоразнообразия и морских биоресурсов

дали положительные отзывы на диссертацию.

**Ведущая организация** Федеральное государственное бюджетное учреждение науки Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова Российской академии наук (ИОГен РАН), г. Москва, в своем положительном заключении, подписанном Гордеевой Натальей Валерьевной, кандидатом биологических наук, старшим научным сотрудником лаборатории популяционной генетики, указала, что по своей актуальности, научной новизне, научно-практической значимости и использованным современным методам диссертационная работа соответствует требованиям, предъявляемым к диссертациям на соискание степени кандидата наук, и критериям, установленным в пунктах 9–11 «Положения о присуждении научных степеней», утвержденным постановлением Правительства Российской Федерации № 842 от 24.09.2013 г., а автор заслуживает присуждения искомой степени.

**Соискатель имеет 8** опубликованных работ, в том числе по теме диссертации опубликовано **5** работ, из них в рецензируемых научных изданиях

опубликовано 2 работы. В диссертации отсутствуют недостоверные сведения об опубликованных работах. Работы по теме диссертации общим объемом 3,4 п.л. посвящены изучению внутривидового полиморфизма краснокнижного вида сахалинского тайменя *Parahucho perryi*, а также сравнительному анализу распределения генетической изменчивости видов *P. perryi* и кеты *Oncorhynchus keta* из Японского и Охотского морей как результата осцилляций палеоклимата. В 4 работах Маляр В.В. является первым автором, что свидетельствует о большом личном вкладе соискателя. В статьях и в материалах конференций опубликованы основные результаты исследований.

**Наиболее значимые работы по теме диссертации:**

1. Скурихина Л.А., Олейник А.Г, Кухлевский А.Д., **Маляр В.В.** Внутривидовой полиморфизм мтДНК сахалинского тайменя *Parahucho perryi* // Генетика. 2013. Т. 49, № 9. С. 1065–1078.

2. **Маляр В.В.**, Брыков Вл.А. Генетическая изменчивость у анадромных рыб кеты *Oncorhynchus keta* (Walbaum) и сахалинского тайменя *Parahucho perryi* (Brevoort, 1856) из северо-западной Пацифики как отражение осцилляций палеоклимата // Биология моря. 2016. Т. 42, № 4. С. 289–299.

3. **Malyar V.V.**, Brykov V.A. Estimating population divergence time of Sakhalin taimen *Parahucho perryi* (Brevoort, 1856) // Contributions to the 4th Moscow International Conference «Molecular Phylogenetics» (MolPhy-4), September 23–26, 2014, Moscow. – Moscow: Torus Press. 2014. P. 44.

**На диссертацию и автореферат поступило 8 положительных отзывов.**

Старший научный сотрудник лаб. генетических проблем идентификации Института общей генетики им. Н.И. Вавилова РАН к.б.н. Афанасьев К.И. отметил необходимость более внимательного отношения к работам отечественных исследователей при обсуждении внутривидовой изменчивости кеты по микросателлитным маркерам. Старший научный сотрудник лаб. геносистематики Лимнологического института Сибирского отделения РАН к.б.н. Букин Ю.С. указал, что: 1) с помощью электрофореза в агарозном геле нельзя оценить качество и количество выделенной ДНК, так как этот метод субъективен и позволяет определить наличие самой ДНК и присутствие

высокомолекулярных фракций ДНК; 2) программа SplitsTree предназначена для построения простирающихся деревьев и не строит медианные сети гаплотипов; 3) на рис. 1 автореферата самые удаленные гаплотипы кеты ОК11 и ОК15 различаются 14 нуклеотидными заменами, что, исходя из общей длины последовательностей (1643 пары), соответствует нескорректированной *p*-дистанции в 0,85%, а не 0,67%, приведенной в автореферате; 4) в автореферате не приведена информация о том, в каких пределах допускали варьирование скорости нуклеотидных замен между разными филогенетическими линиями. Ведущий научный сотрудник Зоологического музея МГУ д.б.н. Васильева Е.Д. указала на неудачные формулировки цели работы, положения 3, выносимого на защиту, начала первого абзаца на стр. 23 автореферата, выводов 1–3 и 5, а также отметила, что датировка первого этапа дивергенции крупночешуйной красноперки на самом деле относится к наиболее ранней, а не к наиболее поздней оценке среди изученных видов. Зав. лабораторией биосистематики и цитологии Ботанического института им. В.Л. Комарова РАН д.б.н. Родионов А.В. и ведущий научный сотрудник лаборатории биосистематики и цитологии Ботанического института им. В.Л. Комарова РАН д.б.н. Шнеер В.С. отметили, что включение рисунка с картой сделало бы автореферат гораздо нагляднее.

Отзывы без замечаний подписали: ведущий научный сотрудник лаборатории экологии низших позвоночных Института проблем экологии и эволюции РАН им. А.Н. Северцова д.б.н. Васильев В.П., ведущий научный сотрудник лаб. популяционной генетики промысловых видов рыб КамчатНИРО к.б.н. Пильганчук О.А., старший научный сотрудник лаб. геносистематики животных Научно-исследовательского института физико-химической биологии имени А.Н. Белозерского МГУ к.б.н. Шубина Е.А., старший научный сотрудник лаб. организации генома Института биологии гена РАН к.б.н. Семёнова С.К.

**Выбор официальных оппонентов и ведущей организации** обосновывается тем, что официальные оппоненты являются высокопрофессиональными специалистами, имеющими значительное количество публикаций в области молекулярной филогенетики и филогеографии, а ведущая организация – научным учреждением, в число

основных направлений фундаментальных и прикладных научных исследований которого входят молекулярная и эволюционная генетика живых организмов, а также генетика и эволюция популяций в связи с охраной биосферы и рациональным использованием биологических ресурсов.

**Диссертационный совет отмечает, что на основании выполненных соискателем исследований** получены новые данные об изменчивости митохондриальных генов цитохромоксидазы I (*COI*) и цитохрома *b* (*Cytb*) у 4 видов рыб, обитающих в бассейнах Охотского и Японского морей – кеты *Oncorhynchus keta* и сахалинского тайменя *Parahucho perryi* из семейства Salmonidae, крупночешуйной красноперки *Tribolodon hakonensis* и мелкочешуйной красноперки *Tribolodon brandtii* из семейства Cyprinidae. Сравнительный анализ изменчивости нуклеотидных последовательностей генов *COI* и *Cytb* общим размером более 1500 пар оснований выявил общие закономерности внутривидовой дифференциации и дивергенции исследованных анадромных видов рыб, связанные с исторической фрагментацией ареала. На основании анализа распределения изменчивости митохондриальной ДНК (мтДНК) установлены наиболее вероятные центры происхождения предковых популяций и особенности внутривидовой дифференциации исследованных видов. Методом «молекулярной датировки» получены оценки времени дивергенции филогеографических групп, соответствующие плейстоценовой эпохе. Молекулярно-генетические данные свидетельствуют об общих периодах дивергентной эволюции видов, синхронизированных с циклическими геоморфологическими процессами в бассейнах Японского и Охотского морей в плейстоцене. Реконструирована демографическая история видов рыб и выявлены недавние (19–26,5 тыс. лет назад) периоды кратковременного увеличения численности популяций, совпадающие с окончанием последнего ледникового максимума.

**Теоретическая значимость исследования** состоит в том, что полученные молекулярно-генетические данные существенно дополняют имеющиеся представления о филогеографии видов семейств Salmonidae и Cyprinidae и послужат основой для дальнейших исследований сравнительной

филогеографии рыб, занимающих общий исторический ареал. Результаты работы дополняют теоретические данные о микроэволюционных процессах в митохондриальном геноме проходных видов рыб.

**Значение полученных соискателем результатов исследования для практики** подтверждается тем, что в базу данных GenBank (NCBI) депонировано 258 последовательностей генов мтДНК (по 129 последовательностей генов *COI* и *Cytb*) для кеты, сахалинского тайменя, крупночешуйной и мелкочешуйной красноперок. Данные о генетическом разнообразии сахалинского тайменя *Parahucho perryi*, включенного в список 100 основных исчезающих видов мировой фауны, могут быть использованы для разработки мер по сохранению и восстановлению его популяций. Экспериментальные подходы, использованные соискателем, могут быть применены для описания структуры, границ, исторической и современной динамики популяций видов рыб, имеющих большое значение для экономики как объекты промысла. Результаты работы могут быть использованы при чтении курсов лекций для студентов, специализирующихся в областях ихтиологии и популяционной генетики.

**Оценка достоверности результатов исследования выявила**, что в работе использованы современные молекулярно-генетические методы определения нуклеотидных последовательностей и многочисленные методы обработки данных, соответствующие поставленным задачам: корректные алгоритмы и программное обеспечение для реконструкции филогенетических деревьев, генеалогических сетей гаплотипов и анализа демографической истории популяций. Достоверность результатов не вызывает сомнений благодаря значительному объему полученных в ходе работы последовательностей ДНК (258), разностороннему анализу и обобщению данных. Воспроизводимость результатов подтверждена использованием разных методических подходов. В работе использованы современные сертифицированные устройства для проведения полимеразной цепной реакции и получения первичных последовательностей ДНК от ведущих производителей

научного оборудования (Applied Biosystems и Bio-Rad Inc., США; Eppendorf, Германия).

**Личный вклад соискателя** состоит в непосредственном участии на всех этапах исследования: анализе литературных данных, планировании экспериментальной работы, получении, анализе и интерпретации экспериментальных данных, подготовке публикаций по теме диссертации и апробации результатов исследования.

На заседании 3 апреля 2018 г. диссертационный совет принял решение присудить Маляру Василию Васильевичу ученую степень кандидата биологических наук. При проведении тайного голосования диссертационный совет в количестве **16** человек, из них **6** докторов наук по специальности 03.02.07 – генетика, участвовавших в заседании, из **22** человек, входящих в состав совета, дополнительно введены на разовую защиту **0** человек, проголосовали: за **16**, против **0**, недействительных бюллетеней **0**.

Председатель диссертационного  
совета, академик РАН

Ученый секретарь  
диссертационного совета,  
кандидат биологических наук



Адрианов  
Андрей  
Владимирович  
Ващенко  
Марина  
Александровна

03 апреля 2018 г.