

ЗАКЛЮЧЕНИЕ ДИССЕРТАЦИОННОГО СОВЕТА 24.1.191.01 (Д 005.008.01),
СОЗДАННОГО НА БАЗЕ ФЕДЕРАЛЬНОГО ГОСУДАРСТВЕННОГО
БЮДЖЕТНОГО УЧРЕЖДЕНИЯ НАУКИ «НАЦИОНАЛЬНЫЙ НАУЧНЫЙ
ЦЕНТР МОРСКОЙ БИОЛОГИИ им. А.В. ЖИРМУНСКОГО»
ДАЛЬНЕВОСТОЧНОГО ОТДЕЛЕНИЯ РОССИЙСКОЙ АКАДЕМИИ НАУК,
ПО ДИССЕРТАЦИИ НА СОИСКАНИЕ УЧЕНОЙ СТЕПЕНИ КАНДИДАТА
НАУК

аттестационное дело № _____

решение диссертационного совета от 24 июня 2022 г. № 3

О присуждении Зайдыкову Игорю Юрьевичу, гражданину России, ученой степени кандидата биологических наук.

Диссертация «Исследование популяционно-видовой структуры азиатских представителей рода *Epischura* Forbes, 1882 (Calanoida, Copepoda)» по специальности 1.5.7. Генетика принята к защите 18 апреля 2022 г. (протокол заседания № 2) диссертационным советом 24.1.191.01 (Д 005.008.01), созданным на базе Федерального государственного бюджетного учреждения науки «Национальный научный центр морской биологии им. А.В. Жирмунского» Дальневосточного отделения Российской академии наук, 690041, г. Владивосток, ул. Пальчевского, д. 17, приказ Минобрнауки России 105/нк от 11.04.2012 г.; шифр диссертационного совета изменен на 24.1.191.01 приказом Минобрнауки РФ № 561/нк от 03 июня 2021 г.

Соискатель Зайдыков Игорь Юрьевич, «22» апреля 1988 г. рождения. В 2010 г. соискатель окончил Государственное образовательное учреждение высшего профессионального образования «Иркутский государственный университет» по специальности «Биология». В 2013 году соискатель окончил очную аспирантуру при Федеральном государственном бюджетном учреждении науки Лимнологический институт Сибирского отделения Российской академии наук, работает в должности главного специалиста-исследователя в Федеральном государственном бюджетном учреждении науки Лимнологический институт Сибирского отделения Российской академии наук.

Диссертация выполнена в лаборатории ихтиологии Федерального государственного бюджетного учреждения науки Лимнологический институт Сибирского отделения Российской академии наук.

Научный руководитель – кандидат биологических наук, доцент Суханова Любовь Васильевна, Федеральное государственное бюджетное учреждение науки Лимнологический институт Сибирского отделения Российской академии наук.

Научный консультант – кандидат биологических наук Наумова Елена Юрьевна, Федеральное государственное бюджетное учреждение науки Лимнологический институт Сибирского отделения Российской академии наук.

Назначение научного руководителя и научного консультанта обусловлено использованием различных методов исследования – молекулярно-генетических и морфологических. Комплексный подход повысил обоснованность выводов о популяционной структуре и демографической истории эндемичного вида копепод *Epischura baikalensis* в озере Байкал.

Официальные оппоненты:

Политов Дмитрий Владиславович, доктор биологических наук, Федеральное государственное бюджетное учреждение науки Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова Российской академии наук, зав. отделом популяционной генетики, зав. лабораторией популяционной генетики им. Ю.П. Алтухова, главный научный сотрудник

дал положительный отзыв на диссертацию.

Туранов Сергей Викторович, кандидат биологических наук, Федеральное государственное бюджетное учреждение науки «Национальный научный центр морской биологии им. А.В. Жирмунского» Дальневосточного отделения Российской академии наук, старший научный сотрудник лаб. молекулярной систематики

дал отрицательный отзыв на диссертацию. Основные критические замечания: 1) Первая задача работы «Подобрать генетические и морфологические маркеры для анализа внутри- и межвидового полиморфизма» не решена, поскольку использованная соискателем спейсерная последовательность ITS1 рибосомной ДНК не пригодна для популяционно-

генетических сравнений веслоногих ракообразных; 2) в работе не дано четкого представления об объеме проанализированного материала для каждого из видов эпишур; 3) в работе не приведены данные об идентификаторах из BOLD (Barcode of Life Data System) о 101 нуклеотидной последовательности гена *COI* эпишур, которые, по заявлению соискателя, размещены им в этой системе; 4) применение видоспецифичных праймеров на фрагмент гена *COI* эпишур, разработанных соискателем, невозможно, и термин «видоспецифичность» для этих праймеров употреблен некорректно; 5) непонятно, что соискатель имеет в виду под термином «гомозиготная аллель»; 6) интерпретация результатов, полученных с использованием маркера ITS1, неверна; 7) несмотря на заявленный комплексный характер работы, анализ фрагментарен, так как для молекулярно-генетического и морфологического анализов были использованы разные особи эпишур.

Ведущая организация Федеральное государственное бюджетное учреждение науки Институт систематики и экологии животных Сибирского отделения Российской академии наук, в своем положительном заключении, подписанном Еленой Ивановной Зуйковой, доктором биологических наук, старшим научным сотрудником тематической группы физиологии и генетики гидробионтов, указала, что диссертационная работа представляет собой законченное исследование, в ходе которого автор успешно достиг цели исследования, решил поставленные задачи и сделал принципиально важные выводы, расширяющие и углубляющие наши знания в области популяционной генетики и зоологии водных беспозвоночных. Работа полностью соответствует всем критериям пунктов 9–11, 13, 14 «Положения о порядке присуждения ученых степеней», утвержденного постановлением Правительства Российской Федерации № 842 от 24.09.2013 г. (в редакции от 11 сентября 2021 г.), предъявляемым к диссертациям на соискание ученой степени кандидата наук, а автор заслуживает присуждения ученой степени кандидата биологических наук по специальности 1.5.7. Генетика.

Соискатель имеет 14 опубликованных работ по теме диссертации, в том числе 7 статей, из них в рецензируемых научных изданиях опубликовано 5 работ. В диссертации отсутствуют недостоверные сведения об опубликованных

работах. Работы посвящены изучению популяционной и видовой структуры азиатских представителей копепод рода *Epischura*. В 3 из 5 работ, опубликованных в рецензируемых научных изданиях, Зайдыков И.Ю. является первым автором, что свидетельствует о большом личном вкладе соискателя. В статьях и в материалах международных и всероссийских научных конференций опубликованы основные результаты исследований.

Наиболее значимые работы по теме диссертации:

1. Naumova E.Yu., **Zaidykov I.Yu.**, Tauson V.L., Likhoshway Ye.V. Features of the fine structure and Si content of the mandibular gnathobase of four freshwater species of *Epischura* (Copepoda: Calanoida) // Journal of Crustacean Biology. – 2015. – V. 35, № 6. – P. 741–746.

2. **Зайдыков И.Ю.**, Майор Т.Ю., Суханова Л.В., Кирильчик С.В., Наумова Е.Ю. Полиморфизм мтДНК эпишуры озера Байкал – ключевого эндемичного вида планктонного сообщества // Генетика. – 2015. – Т. 51, № 9. – С. 1087–1090.

3. Наумова Е.Ю., **Зайдыков И.Ю.** Опыт применения флуктуирующей асимметрии у ракообразных для оценки влияния экологических и популяционных факторов // Вода: химия и экология. – 2016. – № 2. – С. 89–93.

4. **Зайдыков И.Ю.**, Кирильчик С.В., Наумова Е.Ю., Суханова Л.В. Следы генетической подразделенности в ныне единой популяции эпишуры озера Ханка – *Epischura chankensis* Rylov, 1928 (Copepoda, Calanoida) // Генетика. – 2018. – Т. 54, № 3. – С. 369–372.

5. **Zaidykov I.**, Bukin Y., Naumova E., Kirilchik S., Sukhanova L. Phylogenetic relationships and historical population reconstruction of Asian members of the genus *Epischura* (Copepoda, Calanoida) // Journal of Great Lakes Research. – 2020. – V. 46, № 1. – P. 12–16.

На диссертацию и автореферат поступило 4 положительных отзыва.

В отзыве, подписанном зав. лаб. биологических ресурсов континентальных водоемов и рыб эстуарных систем Тихоокеанского филиала ФГБНУ «ВНИРО» («ТИНРО») к.б.н. Е.И. Барабанщиковым высказаны следующие вопросы и замечания. 1) Не связана ли своеобразная сеть гаплотипов (включая «хвостовую часть») у ханкайской эпишуры с 2 генерациями в течение года? 2)

Автору следовало бы учитывать, что ханкайская эпишура обитает не только в озере Ханка («стоячий водный объект»), но и в реках («текущие водные объекты») и употреблять термин «водные объекты», а не «водоёмы». 3) При обсуждении различий в строении ротового аппарата байкальской и ханкайской эпишур автор не учитывает различий в уровне трофности озёр. Отзывы без замечаний подписали: профессор кафедры биофизики Государственного университета «Дубна» д.б.н. А.К. Гришанин, старший научный сотрудник лаб. пресноводной и экспериментальной гидробиологии Зоологического института Российской академии наук к.б.н. Н.М. Сухих и профессор этой же лаборатории д.б.н. В.Р. Алексеев, и старший научный сотрудник отдела экологии животных Института биологии Федерального исследовательского центра «Коми научный центр Уральского отделения Российской академии наук» к.б.н. Е.Б. Фефилова.

Выбор официальных оппонентов и ведущей организации обосновывается тем, что официальные оппоненты являются высокопрофессиональными специалистами, имеющими значительное количество публикаций в областях филогенетики, популяционной генетики и геносистематики, а ведущая организация – научным учреждением, одним из основных направлений фундаментальных научных исследований которого является изучение структурно-функциональной организации популяций и сообществ животных как основы устойчивого существования живых систем, а также систематика и инвентаризация живого мира. Квалифицированность ведущей организации подтверждается большим числом публикаций по тематике диссертации.

Диссертационный совет отмечает, что в результате выполненных соискателем исследований получены новые данные о структуре и изменчивости ядерного гена *18S* и спейсерного участка *ITS1* рибосомного кластера (рДНК) и гена первой субъединицы цитохромоксидазы (*COI*) митохондриальной ДНК (мтДНК) у трех видов веслоногих ракообразных рода *Epischura* (Calanoida, Copropoda) из азиатских (*E. baikalensis* из озера Байкал и *E. chankensis* из озера Ханка) и североамериканской (*E. nordenskioldi* из пруда Стоппс, Ганновер) популяций. На основании анализа полиморфизма полученных соискателем нуклеотидных последовательностей фрагментов *ITS1*

и *COI* проведены филогенетические реконструкции и показано, что время происхождения *E. baikalensis* и *E. chankensis* от общего предка составляет не менее 8 млн. лет. Установлено, что оба вида претерпели в прошлом резкие изменения эффективного размера популяций, соотносимые с климатическими и геологическими изменениями. Сделан вывод о высокой вероятности недавней демографической экспансии обоих видов (около 0,1–0,18 млн. лет назад для *E. baikalensis* и 0,25–0,4 млн. лет назад для *E. chankensis*). Анализ гаплотипов фрагмента *COI* мтДНК у байкальской эпишуры не выявил различий между особями как из летней и зимне-весенней генераций, так и из разных районов озера Байкал, на основании чего сделан вывод о существовании единой панмиксной популяции *E. baikalensis* в озере. У ханкайской эпишуры *E. chankensis* выявлены 2 гаплогруппы, свидетельствующие о существовавшей в прошлом генетической подразделенности, вероятно, связанной с геологической историей озера Ханка. Сравнительный морфологический анализ строения ротового аппарата у байкальской и ханкайской эпишур выявил некоторые межвидовые отличия и отсутствие значимых отличий по уровню флуктуирующей асимметрии между различными выборками *E. baikalensis*. Сделан вывод о высокой приспособленности видов к жизни в местах их обитания.

Теоретическая значимость исследования обоснована тем, что полученные молекулярно-генетические данные обеспечивают существенную базу для дальнейших исследований в области реконструкции путей эволюции и популяционной генетики копепод (Copepoda) – одного из самых многочисленных подклассов ракообразных, населяющих различные пресноводные и морские биотопы и составляющих основную массу зоопланктона. Результаты исследования дополняют сведения об истории и эволюции уникальной фауны Байкала и крупнейшего на российском Дальнем Востоке озера Ханка и вносят вклад в понимание микроэволюционных процессов, а также механизмов адаптации ключевых видов озерных экосистем.

Значение полученных соискателем результатов исследования для практики подтверждается тем, что в базу данных GenBank (NCBI) депонирована 113 нуклеотидных последовательностей гена первой

субъединицы цитохромоксидазы (COI) мтДНК, 3 нуклеотидные последовательности 18S рибосомной РНК и 6 нуклеотидных последовательностей спейсерного участка ITS1 (рДНК), полученных от 120 экземпляров 3 видов копепод рода *Epischura*, в том числе *E. baikalensis* – эндемика озера Байкал. Знание эволюционной истории и современной популяционной структуры видов копепод необходимо для прогнозирования последствий антропогенного воздействия и глобальных изменений климата на экосистемы уникальных озер.

Оценка достоверности результатов исследования выявила, что в работе использован ряд современных молекулярно-генетических и морфологических методов анализа популяционно-видовой структуры азиатских представителей копепод рода *Epischura*, соответствующих поставленным задачам. Фактические материалы, представленные в диссертации, соответствуют первичной документации. Анализ большого объема научной литературы, использование в работе репрезентативного материала по целому комплексу видов *Epischura*, использование стандартных методов анализа ДНК и морфологических признаков, а также применение комплекса современных компьютерных программ для обработки полученных данных обеспечили достоверность результатов и сделанных на их основе выводов. В работе использовано сертифицированное современное оборудование: амплификаторы «БИС М111-02-96» (Термоциклер, Россия) и «Т100 Termal Cycler» (BIO-RAD, США), сканирующий электронный микроскоп «QUANTA 200» (FEI, США) с системой энергодисперсионного микроанализа (EDS), горизонтальные камеры для электрофореза (BIO-RAD, США).

Личный вклад соискателя состоит в реализации всех этапов исследования (участие в экспедиционных работах, сбор и обработка материала, анализ и статистическая обработка данных, интерпретация результатов) в полном объеме и в непосредственном участии в анализе литературных данных, подготовке публикаций по теме диссертации и апробации результатов исследования.

В ходе защиты диссертации были высказаны критические замечания относительно использования для популяционных исследований молекулярного

маркера рРНК (ITS1), статистического анализа данных, выбора цитируемой литературы при описания методик построения филогенетических деревьев, а также замечания редакционного характера по поводу оформления таблиц, использования некоторых терминов, оформления ссылок на использованные программные пакеты, наличия в тексте орфографических и пунктуационных ошибок.

Соискатель Зайдыков И.Ю. ответил на все вопросы, привел собственную аргументацию в ответах на вопросы дискуссионного характера и согласился с критическими замечаниями.

На заседании 24 июня 2022 г. диссертационный совет принял решение присудить Зайдыкову И.Ю. ученую степень кандидата биологических наук за вклад в решение задачи, имеющей значение для развития генетики – изучение филогении и генетической структуры популяций видов, которым принадлежит ключевая роль в функционировании экосистем.

При проведении тайного голосования диссертационный совет в количестве **13** человек, из них **4** доктора наук по специальности 1.5.7. Генетика, участвовавших в заседании, из **19** человек, входящих в состав совета, дополнительно введены на разовую защиту **0** человек, проголосовали: за **11**, против **0**, недействительных бюллетеней **2**.

Председатель диссертационного
совета
чл.-корр. РАН
Ученый секретарь
диссертационного совета,
кандидат биологических наук



Юшин
Владимир
Владимирович
Ващенко
Марина
Александровна

24 июня 2022 г.