

О Т З Ы В  
на автореферат диссертации

Шайкевич Елены Владимировны «Генетическая идентификация близкородственных видов насекомых и роль симбионтов в их эволюции (на примере комплекса видов *Culex pipiens* и *Adalia spp.* )», представленной к защите на соискание ученой степени доктора биологических наук по специальности 03.02.07 - генетика.

Диссертация Е.В. Шайкевич посвящена актуальной проблеме современной популяционной генетики – исследованию генетических механизмов формирования широких политипических видов в процессе адаптивной радиации различных групп насекомых, а также роли симбионтов в становлении новых экологических рас и видообразовании.

Основной целью работы была генетическая идентификация близкородственных форм насекомых со спорным или неясным таксономическим статусом, выяснение генетических процессов, протекающих в популяциях комаров комплекса *Culex pipiens* и жуков комплекса *Adalia bipunctata* и роли симбиотических бактерий в их эволюции.

Для достижения поставленной цели были сформулированы следующие задачи:

1. Определить изменчивость гена цитохромоксидазы субъединицы I (*COI*) мтДНК у близких видов, подвидов и внутривидовых форм комплекса *Culex pipiens*.
2. Изучить разнообразие нуклеотидных последовательностей внутреннего транскрибируемого (ITS2) и межгенного (IGS) спейсеров рибосомного кластера генов у членов комплекса *Culex pipiens*.
3. На основании данных об изменчивости изученных нуклеотидных последовательностей ДНК оценить степень генетической дифференциации и разработать ДНК-маркеры для точной идентификации близкородственных форм комплекса *Culex pipiens*.
4. С помощью разработанных молекулярно-генетических маркеров проанализировать географическое распространение видов и форм комплекса *Culex pipiens* и определить происхождение антропофильной формы *Culex pipiens f. molestus*.
5. Изучить распространение симбиотической альфа-протеобактерии *Wolbachia* в естественных и антропогенных популяциях комаров комплекса *Culex pipiens*.
6. Изучить связь полиморфизма симбиотической бактерии *Wolbachia* с изменчивостью ДНК комаров комплекса *Culex pipiens*.
7. Изучить распространение симбиотических бактерий в популяциях жуков рода *Adalia*.

8. Изучить изменчивость гена *COI* мтДНК у жуков рода *Adalia*.
9. Оценить связь изменчивости мтДНК с зараженностью симбиотическими бактериями у жуков рода *Adalia*.
10. Изучить изменчивость нуклеотидных последовательностей внутреннего транскрибируемого спейсера кластера генов рРНК (ITS2) у жуков рода *Adalia*.
11. На основании данных об изменчивости последовательностей мтДНК и ДНК области ITS2 уточнить филогенетические связи жуков рода *Adalia*, в частности - определить степень генетической дифференциации и таксономическое положение географических форм политипического комплекса *Adalia bipunctata* – *A. b. bipunctata*, *A. b. fasciatopunctata*, *A. b. revelierei*, *A. b. turanica* и *A. frigida*.

В работе на основе изучения генетических маркеров ITS2 и IGS кластера рибосомных генов, *COI* мтДНК впервые была определена генетическая структура популяций видов-двойников и внутривидовых форм у комаров комплекса *Culex pipiens* и жуков рода *Adalia*. Показано единое происхождение географически удаленных популяций подвальных комаров *C. p. pipiens* формы *molestus* на территории Европейской части России. Установлены современные ареалы видов-двойников *C. torrentium* и *C. pipiens*. Впервые выявлены случаи межвидовой гибридизации *C. p. pipiens* и *C. p. quinquefasciatus* и отмечены факты цитоплазматической интрогрессии у членов комплекса *Culex pipiens* в Средиземноморье. Установлено, что комары *C. torrentium*, в отличие от *C. pipiens* формы *pipiens*, не инфицированы эндосимбионтом рода *Wolbachia*. Доказано совместное распространение цитоплазматических компонентов – мтДНК и типов *Wolbachia pipientis*, - в популяциях у *C. pipiens* и их связь с таксонами комплекса. На основе соответствия генетических расстояний между гаплотипами *COI* и группами *W. pipientis* обоснована ведущая роль бактерии в дивергенции таксонов комплекса *Culex pipiens*. Реконструкция эволюционных событий в комплексе *Culex pipiens*, определение роли симбионтов в процессе дифференциации внутривидовых форм и становления новых видов, по нашему мнению, являются главными результатами исследования. Полученные данные вносят существенный вклад в развитие эволюционной теории.

В работе впервые на основе молекулярно-генетического анализа определены филогенетические отношения между близкородственными видами р. *Adalia* и подвидами комплекса *A. bipunctata*. Установлено, что морфологически различающиеся жуки *A. fasciatopunctata*, *A. revelierei* и *A. turanica* не являются отдельными самостоятельными видами, и должны рассматриваться как географические формы политипического вида *Adalia bipunctata*. Показано, что зараженность *A. bipunctata* бактерией *Spiroplasma* характерна для жуков с мт-гаплотипом H1 и близкими к нему в популяциях из Санкт-Петербурга и Стокгольма. Особи *A. bipunctata* из Карелии и Забайкалья, зараженные симбиотической бактерией *Rickettsia*,

имеют мт-гаплотип H10. Наличие мт-гаплотипов, сцепленных с *Rickettsia* и *Spiroplasma*, в географически отдаленных популяциях свидетельствует о древности первого контакта бактерий с представителями вида *A. bipunctata* и адаптивной ценности явления бессамцовости. Высказана идея о том, что связь зараженности симбионтами с определенным мт-гаплотипом является следствием отсутствия или редкости заражения изученных насекомых путем горизонтального переноса симбионтов.

Полученные результаты и выводы проведенных исследований высоко достоверны и хорошо обоснованы.

Работа имеет не только важное теоретическое, но и большое практическое значение. Автором диссертации разработан способ диагностики видов-двойников и внутривидовых форм комаров рода *Culex* с помощью ПЦР-ПДРФ анализа нуклеотидной последовательности гена *COI* митохондриальной ДНК. Комары рода *Culex* служат переносчиками ряда опасных трансмиссивных заболеваний человека и животных, таких как лихорадка Западного Нила.

Считаем, что по актуальности, новизне, степени обоснованности и достоверности полученных результатов, теоретической и научно-практической значимости данная диссертационная работа соответствует всем критериям, установленным «Положением о присуждении ученых степеней» от 24.09.2013 № 842, а её автор, Шайкевич Елена Владимировна, заслуживает присуждения учёной степени доктора биологических наук по специальности 03.02.07 – генетика.

Заведующий кафедрой общей биологии и биоэкологии  
Московского государственного областного университета,  
105005, Москва, ул. Радио, 10а

эл. почта: office@mgou.ru; телефон: (495)780-09-43, доб. 1340

д. б. н., профессор



Гордеев Михаил Иванович

Старший преподаватель кафедры общей биологии и биоэкологии  
Московского государственного областного университета,  
105005, Москва, ул. Радио, 10а

эл. почта: office@mgou.ru; телефон: (495)780-09-43, доб. 1340

к. б. н.

Москаев Антон Вячеславович

11.02.2015 г.

Подписи заверяю


