

ОТЗЫВ

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 на соискание учёной степени доктора биологических наук
по специальности 03.02.07 – «генетика»

Фундаментальные проблемы, рассматриваемые в диссертации, разработанные для их решения методы и полученные результаты актуальны для различных областей биологии: эволюционной генетики, таксономии и экологии насекомых, их взаимодействия с симбиотическими бактериями. Однако мне хотелось бы отразить в отзыве вклад диссертации в исследование более узкой, но близкой для меня проблемы: эпидемиологической роли членистоногих – переносчиков патогенных вирусов и бактерий в целом и комаров рода *Culex* в частности. С середины 1990-х годов наблюдается резкое повышение заболеваемости опасным инфекционным заболеванием – лихорадкой/энцефалитом Западного Нила (ЛЗН) в странах Южной Европы, включая юг России, сопровождающееся расширением ареала инфекции к северу (в России он включал преимущественно Астраханскую область в 1960-е и дотянулся до Калужской области к 2014 г.). Одновременно, вероятно впервые в истории, в 1999 г. произошел занос вируса Западного Нила (ВЗН) в Западное полушарие в район Нью-Йорка. Всего за десятилетие ВЗН распространился практически на весь Американский континент – от южных провинций Канады до Аргентины. Естественно, появление новой и серьезной угрозы здоровью населения привело к резкой интенсификации исследования этой инфекции, включая ее энтомологические аспекты. Была показана ведущая роль комаров рода *Culex* в циркуляции вируса в природных условиях (среди птиц) и переносе ВЗН от птиц к человеку. Однако более глубокое понимание вопроса было затруднено уже известным или предполагаемым существованием «видов-двойников» и различных геновариантов и/или экотипов среди одного вида комаров рода *Culex*, а также потенциальной возможностью гибридизации различных видов или геновариантов. Нельзя было исключить, что значение различных видов, подвидов и их гибридов как переносчиков ВЗН существенно различно. Исследование этой проблемы требовало разработки и применения технологически сравнительно простых, но однозначно интерпретируемых методов идентификации таксономически и генетически различных представителей рода *Culex*. В значительной степени эта задача решена в рецензируемой диссертации.

Автореферат с необходимой ясностью и полнотой отражает методы и результаты работы, а также логически следующие из них выводы, поэтому они не нуждаются в пересказе в отзыве. Мне выпали удовольствие и честь следить за развитием этого исследования, отчасти проведенного совместно с сотрудниками нашей лаборатории, с самых начальных стадий, и оно произвело глубокое впечатление. В начале 2000-х годов генетическая таксономия рода *Culex* представляла собой набор разрозненных фактов, многие из которых были получены

недостаточно адекватными методами и впоследствии оказались недостоверными, и нечетких гипотез. К настоящему моменту, в существенной степени усилиями диссертанта, создана стройная система, убедительная не только с собственно генетической, но и эволюционной и экологической точек зрения. Поэтому автореферат читается как своеобразная и интересная научная новелла о прирастании знаний.

Я не вижу заслуживающих внимания недостатков в планировании и исполнении работы, а также в ее изложении в автореферате. Скорее можно говорить о «недостатках», свидетельствующих о редкой черте работы – она действительно является началом нового научного направления, как требуется, может быть избыточно, от докторских диссертаций. Во-первых, предложенная схема генетической дифференцировки таксонов не кажется мне окончательной. Когда для дифференцировки будут использованы не несколько, а тысячи локусов или полные геномы, она может быть уточнена, возможно, весьма неожиданным образом. Во-вторых, я бы смягчил положение «географически удаленные популяции *C. p. ripiens f. molestus* имеют единое происхождение» до «изученные географически удаленные популяции». Природа отличается редкостным разнообразием (и подлостью) и возможность происхождения (малой части?) популяций *C. p. ripiens f. molestus* от симпатрических популяций *C. p. ripiens f. ripiens* пока рано исключать. В-третьих, в работе утверждается, что «Регион Средиземноморья является центром генетического разнообразия комаров комплекса *Culex*». Однако интересный район Средиземноморья требует дальнейшего изучения с включением комаров из стран Ближнего Востока (Израиль, Египет и т.д.) Возможно, что они отличаются не меньшим разнообразием, но в большей степени эволюционно связаны с комарами из Восточной Европы и России. Впрочем, в отсутствии подобных данных скорее виноваты израильские коллеги, которые обещали предоставить через меня российским исследователям представительную коллекцию местных комаров рода *Culex* сначала «завтра», потом «в последний день конференции», потом «подвезти в аэропорт», а результате за прошедшие 10 лет ни сами не выполнили необходимых исследований, ни помогли их выполнить кому-либо еще.

Разумеется, перечисленные «недостатки» не являются недостатками в прямом смысле слова. Именно полученные автором результаты позволяют приступить к рассмотрению этих проблем в ближайшем будущем, а также достовернее оценить эффективность различных подвидов и видов комаров *Culex* как переносчиков ВЗН. Более того, разработанные в диссертации методологические подходы могут быть плодотворно перенесены на исследования других видов и родов комаров и иных членистоногих, имеющих эпидемиологическое значение.

В заключение хотелось бы пожелать автору немедленно приступить к более широкому и агрессивному разглашению полученных им результатов и сделанных выводов. Не знаю, насколько энтомологической общественности известна принципиальная находка широкой распространённости вида *C. torrentium* в России. Медицинским энтомологам в частности и эпидемиологам в целом она абсолютно неизвестна: они знают только о виде *C. ripiens*. Также, обсуждая проблемы таксономии комаров-переносчиков с зарубежными коллегами, я неоднократно

убеждался, что они знают и ценят публикации Е.В.Шайкевич, пользуются разработанными ею методиками, учитывают ее выводы в своих исследованиях. Но, насколько я могу судить, последние, наиболее принципиальные результаты еще не опубликованы в международных рецензируемых журналах, что вполне реально тормозит развитие подобных исследований за рубежом.

Таким образом, диссертация Шайкевич Елены Владимировны «Генетическая идентификация близкородственных видов насекомых и роль симбионтов в их эволюции (на примере комплекса видов *Culex pipiens* и *Adalia spp*)», является научно-квалификационной работой, в которой на основании выполненных автором исследований решена актуальная для отечественной и международной науки важная проблема, решение которой имеет также непосредственное и существенное практическое значение, в частности для борьбы с трансмиссивными инфекционными заболеваниями человека и животных, что полностью соответствует требованиям «Положения о порядке присуждения ученых степеней» № 842 от 24 сентября 2013 г., а автор диссертации, безусловно, заслуживает присвоения ученой степени доктора биологических наук по специальности 03.02.07 – «генетика».

Зав. лабораторией эпидемиологии
природно-очаговых инфекций
ЦНИИ эпидемиологии Роспотребнадзора
проф., д.б.н.
24 февраля 2015 г.



Платонов А.Е.

Адрес: ЦНИИ эпидемиологии Роспотребнадзора
Москва 111123, Новогиреевская ул., д. 3А
Тел: (495) 974 9646, доб. 1125

Подпись *А. Е. Шайкевич*
_____ заверяю
Ученый секретарь *А. В. Шайкевич*
ФБУН ЦНИИ Эпидемиологии Роспотребнадзора

