

МИНОБРНАУКИ РОССИИ

Федеральное государственное
автономное образовательное
учреждение высшего образования
«Национальный исследовательский
Томский государственный университет»

НАУЧНО-ИССЛЕДОВАТЕЛЬСКИЙ
ИНСТИТУТ БИОЛОГИИ И БИОФИЗИКИ
ТОМСКОГО ГОСУДАРСТВЕННОГО
УНИВЕРСИТЕТА
(НИИ ББ ТГУ)

Ленина пр., 36, стр.13, г. Томск, 634050
Тел. (3822) 52-96-28, факс (3822) 52-98-01
E-mail: resbb@res.tsu.ru
http://www.res.tsu.ru

19.01.2015 № 04

на № _____ от _____

ОТЗЫВ

на автореферат диссертации

на соискание ученой степени доктора биологических наук

Шайкевич Елены Владимировны

«Генетическая идентификация близкородственных видов насекомых
и роль симбионтов в их эволюции

(на примере комплекса видов *Culex pipiens* и *Adalia* spp.)»

Диссертационная работа Шайкевич Е.В. посвящена генетической идентификации близкородственных форм насекомых, а также, роли симбиотических бактерий в их эволюции. В качестве модельных видов автором были выбраны кровососущие комары комплекса *Culex pipiens* и божьи коровки рода *Adalia*. В состав комплекса комаров *C. pipiens* входят несколько представителей сложного таксономического статуса, которые характеризуются небольшими морфологическими и значительными биологическими отличиями, в том числе, и способностью к передаче возбудителей заболеваний. У видов р. *Adalia* наблюдается ярко выраженный внутривидовой полиморфизм и географическая изменчивость в пределах видов. Кроме того, представители комплекса *Culex pipiens* и р. *Adalia* заражены внутриклеточными симбиотическими бактериями. Известно, что благодаря широкому распространению и вызываемым репродуктивным эффектам, в частности, цитоплазматической несовместимости, бактерии-симбионты

вовлечены в эволюционные процессы, а именно, играют важную роль в процессах быстрого видообразования насекомых-хозяев.

Автором был предложен метод ПЦР-ПДРФ идентификации комаров *C. p. pipiens* (форм *pipiens* и *molestus*), *C. p. quinquefasciatus*, *C. torrentium* и *C. modestus*. Использование этого метода в наших исследованиях показало, что метод является надежным, позволяет точно определить таксономическую принадлежность комаров из природных популяций. Также, была изучена степень инфицированности природных популяций комаров *Culex pipiens* симбиотической бактерией *Wolbachia*. Было показано, что доля зараженных *C. pipiens pipiens* составляет 71 – 100 %, в то время как особи *C. torrentium* не инфицированы *Wolbachia*. Кроме того, был проведен анализ изменчивости ядерной и митохондриальной ДНК и изучена корреляция выявленных мт-гаплотипов комаров и типа бактерии *Wolbachia*. Выявленная связь мт-гаплотипов хозяина по гену *COI* и штаммов *Wolbachia* с подвидовой принадлежностью комаров может свидетельствовать о том, что первоначальное заражение *C. pipiens* произошло раньше дивергенции подвидов и что происхождение таксонов проходило одновременно с дивергенцией штаммов бактерии. Также, результаты анализа ДНК позволили установить единообразие линии, объединяющей географически удаленные популяции подвальных комаров *C. p. pipiens* формы *molestus* на территории европейской части России, т.е. они имеют общее происхождение, а не происходят от симпатрических наземных популяций формы *pipiens*. Автор предполагает, что между *pipiens* и *molestus* существует, по крайней мере, частичная репродуктивная изоляция, которая может быть связана с цитоплазматической несовместимостью, вызванной генетически различными штаммами *W. pipientis*.

Проведенный анализ ДНК божьих коровок *Adalia bipunctata turanica*, *A. b. revelierei* и *A. b. fasciatopunctata* не обнаружил отличий последовательности ITS2 от номинальной формы *A. bipunctata* и разницы в гаплотическом разнообразии по гену *COI* мтДНК. Это позволило автору сделать вывод о том, что *A. b. turanica*, *A. b. revelierei* и *A. b. fasciatopunctata*, которые иногда описываются как отдельные виды, являются лишь географическими формами политипического вида *Adalia bipunctata*.

Результаты работы Шайкевич Е.В. представляют несомненный научный и практический интерес. Предложенные автором методы диагностики кровососущих комаров позволяют оценить роль представителей близких видов и форм комплекса *Culex pipiens* в распространении возбудителей опасных заболеваний человека и животных. Результаты исследования корреляции между зараженностью симбиотическими бактериями и типами мтДНК у представителей р. *Adalia* и комаров

комплекса *Culex pipiens* важны для понимания процессов видообразования и роли симбионтов в эволюции близких видов.

Работа выполнена на высоком научном и методическом уровне. Выводы работы полностью соответствуют задачам и положениям, выносимым на защиту. Все вышесказанное позволяет считать, что диссертационная работа соответствует требованиям, предъявляемым ВАК РФ к докторским диссертациям, а ее автор Шайкевич Елена Владимировна заслуживает присуждения искомой степени доктора биологических наук по специальности 03.02.07 – генетика.

Заведующий лабораторией эволюционной цитогенетики Научно-исследовательского института биологии и биофизики Национального исследовательского Томского государственного университета

доктор биологических наук, профессор  Стегний Владимир Николаевич
(г. Томск, 634028, просп. Ленина, д.36, стр.13, тел. +7(3822) 529752, e-mail: stegniy@res.tsu.ru)

старший научный сотрудник лаборатории эволюционной цитогенетики Научно-исследовательского института биологии и биофизики Национального исследовательского Томского государственного университета

кандидат биологических наук,  Храброва Наталья Валерьевна (г. Томск, 634028, просп. Ленина, д.36, стр.13, тел. +7(3822) 529752, e-mail: hrabrova@yandex.ru)

Подписи заведующего лабораторией эволюционной цитогенетики Стегния Владимира Николаевича и старшего научного сотрудника лаборатории эволюционной цитогенетики Храбровой Натальи Валерьевны заверяю:

Ученый секретарь

Научно-исследовательского института биологии и биофизики Национального исследовательского Томского государственного университета

Кандидат биологических наук
19.01.2015



Колесниченко Лариса Геннадьевна