

ФАНО России  
Федеральное государственное бюджетное  
учреждение науки  
«НАЦИОНАЛЬНЫЙ НАУЧНЫЙ ЦЕНТР  
МОРСКОЙ БИОЛОГИИ»  
Дальневосточного отделения Российской  
академии наук  
(ННЦМБ ДВО РАН)  
ОГРН 1022502128538 ИНН 2539008324  
ул. Пальчевского, д. 17, г. Владивосток,  
Приморский край, 690041  
тел. (423) 231-09-05, факс (423) 231-09-00  
эл. почта: inmarbio@mail:primorye.ru

№ 16150-  
На № \_\_\_\_\_ от \_\_\_\_\_

## О Т З Ы В

На автореферат диссертационной работы  
*Удалова Ильи Андреевича* " Голые лобозные амебы рода *Korotnevella* Goodkov, 1988  
(Amoebozoa, Paramoebidae): систематика, биоразнообразие и ДНК-баркодинг",  
представленную на соискание ученой степени кандидата биологических наук  
по специальности 03.02.04 – зоология

Актуальность темы диссертационного исследования Ильи Андреевича достаточно очевидна в свете недостаточной изученности биоразнообразия и филогении исследованных им голых амеб рода *Korotnevella*. Поставленные цели достигнуты на высоком уровне, объединив подходы молекулярной филогенетики и систематики, разносторонне изучены аспекты морфологии коротневелл. Следует согласиться с содержанием основных положений диссертации, выносимых на защиту. Им полностью соответствуют полученные выводы, хотя количество выводов не соответствует количеству задач или выносимых на защиту положений, что не является существенным замечанием.

Зоологическая часть работы выполнена превосходно, на высочайшем мировом уровне, несмотря на ее методическую сложность. Представленная диссертационная работа соответствует самым современным стандартам комплексных исследований в области систематики, морфологии голых амеб и филогенетики. Сделаны детальные современные описания семи видов коротневелл, впервые показано наличие цисты у представителей этого рода. Впервые предложена гипотеза эволюции покровных структур парамёбид с использованием современных методов молекулярной филогенетики.

Стоит отметить хороший уровень изложения в автореферате: его легко читать и понять суть проделанной работы. Мизерное количество технических поमारок не умаляет его ценности.

Соискателем опубликовано 6 печатных работ, из них 5 из списка ВАК и, что превышает требования ВАК к защите кандидатской диссертации. Результаты работы апробированы на международных конференциях.

Вместе с тем, следует указать на небольшие недостатки работы. Задача №5 выполнена на примитивно-«традиционном» уровне. отчето в строгом современном

понимании, ее сложно назвать выполненной. В литературном обзоре не раскрыта суть ДНК-штрихкодирования, не процитировано ни одной основополагающей в этой области науки работы, например [1]. Опять-таки, традиционно для большинства подобных работ, автор не видит различий между молекулярной филогенетикой и ДНК-штрихкодированием, хотя это разные области знаний с разными целями и методологиями [2–4]. Попытка найти «молекулярные подписи» видов (Рис. 5 и 6 автореферата) является «изобретением велосипеда», при этом, из подписей к рисункам с трудом можно понять, что же на них изображено. В то же время, в современной зоологии набирает популярность, служащий для поиска видоспецифичных SNP программный пакет CAOS [5] и связанные с ним методология и терминология. В довершение, не были использованы и упомянуты в литературном обзоре методы разделения видов по ДНК-штрихкодам, нацеленные на избежание «подводных камней» ДНК-штрихкодирования [6–10] – такие как Automated Barcode Gap Discovery (ABGD) [11], Poisson Tree Process (PTP) [12], General Mixed Yule Coalescent (GMYC) [13–15] и другие.

Подчеркну, что в настоящее время многие зоологи во всем мире пользуются «молекулярными» методами, копируя друг у друга подходы от публикации к публикации, не сильно вдаваясь в их суть, забывая о том, что А) традиция не является научным подходом и Б) теоретические основы и методология ДНК-штрихкодирования развиваются семимильными шагами. И да, не всегда систематики успевают отслеживать все новшества. Как результат, большинство современных публикаций, затрагивающих вопросы молекулярной систематики, используют методологический аппарат «ДНК-штрихкодирования 1990х годов» – той поры, когда эта наука еще не сформировалась, отделившись от общего пула методов анализа нуклеотидных последовательностей. Подобные ошибки были бы непростительными для опытного ученого со стажем и опытом работ в области ДНК-штрихкодирования, но их следует простить молодому специалисту, находящемуся в начале своего пути. Все нюансы методологии и идеологии ДНК-штрихкодирования не могут быть освоены за годы аспирантуры, параллельно со сложнейшей задачей по культивированию и морфологическому анализу голых амёб. Для этого требуется опыт проведения многих работ в области ДНК-штрихкодирования и многолетнего общения с рецензентами журналов и другими компетентными коллегами, специализирующихся на проблемах молекулярной систематики. А исходя из личного общения с диссертантом, я уверен, что он твердо намерен постичь эти тонкости.

Из совсем мелких замечаний. Часто используется сленг – например «сиквенс» вместо «нуклеотидная последовательность», «ген» вместо «молекулярный маркер». Конечно, мы в жизни постоянно пользуемся этими словами для упрощения каждодневного общения с коллегами, но в научной работе эти слова становятся терминами – но термина «сиквенс» в русском языке нет, а термин «ген» обозначает единицу наследственности, являющуюся объектом изучения генетики, но не зоологии и систематики – даже молекулярной. В работе использована сленговая калька англоязычного термина *posterior probability* – «постериорная вероятность». Однако, в русском языке используется термин «апостериорная вероятность», что известно даже службе проверки орфографии в Microsoft Word...

Данные замечания не снижают общего впечатления от работы, и содержание автореферата позволяет сделать вывод о том, что работа соответствует требованиям, предъявляемым к кандидатским диссертациям (пп. 9-11, 13, 14 «Положения о присуждении учёных степеней», утвержденного Постановлением правительства РФ №

842 от 24 сентября 2013 г.), а ее автор заслуживает присуждения учёной степени кандидата биологических наук по специальности 03.02.04 – зоология.

"20" августа 2017 г.

Чичвархин Антон Юрьевич  
Кандидат биологических наук  
Научный сотрудник  
Лаборатории молекулярной систематики  
Федерального государственного бюджетного учреждения науки  
Национального научного центра морской биологии Дальневосточного отделения  
Российской академии наук



690041, Владивосток, ул. Пальчевского, 17  
Тел. (423)2310905  
(902)5575870  
e-mail: anton.chichvarkhin@gmail.com

20.08.2017

Процитированные публикации:

1. Hebert P.D.N. et al. Biological identifications through DNA barcodes // Proc. R. Soc. B-Biological Sci. 2003. Vol. 270, № 1512. P. 313–321.
2. Goldstein P.Z., DeSalle R. Integrating DNA barcode data and taxonomic practice: Determination, discovery, and description // BioEssays. 2011. Vol. 33, № 2. P. 135–147.
3. DeSalle R. Species discovery versus species identification in DNA barcoding efforts: Response to Rubinoff // Conservation Biology. 2006. Vol. 20, № 5. P. 1545–1547.
4. DeSalle R., Egan M.G., Siddall M. The unholy trinity: taxonomy, species delimitation and DNA barcoding. // Philos. Trans. R. Soc. Lond. B. Biol. Sci. 2005. Vol. 360, № 1462. P. 1905–1916.
5. Sarkar I.N., Planet P.J., Desalle R. CAOS software for use in character-based DNA barcoding // Mol. Ecol. Resour. 2008. Vol. 8, № 6. P. 1256–1259.
6. Dasmahapatra K.K. et al. Mitochondrial DNA barcoding detects some species that are real, and some that are not // Mol. Ecol. Resour. 2010. Vol. 10, № 2. P. 264–273.
7. Collins R.A., Cruickshank R.H. The seven deadly sins of DNA barcoding // Mol. Ecol. Resour. 2012. Vol. 13, № 6. P. 969–975.
8. Will K.W., Mishler B.D., Wheeler Q.D. The Perils of DNA Barcoding and the Need for Integrative Taxonomy // Syst. Biol. 2005. Vol. 54, № 5. P. 844–851.
9. Will K.W., Rubinoff D. Myth of the molecule: DNA barcodes for species cannot replace morphology for identification and classification // Cladistics. 2004. Vol. 20, № 1. P. 47–55.
10. Rubinoff D., Cameron S., Will K. A genomic perspective on the shortcomings of mitochondrial DNA for “barcoding” identification // Journal of Heredity. 2006. Vol. 97, № 6 P. 581–594

11. Puillandre N. et al. ABGD, Automatic Barcode Gap Discovery for primary species delimitation // *Mol. Ecol.* 2012. Vol. 21, № 8. P. 1864–1877.
12. Zhang J. et al. A general species delimitation method with applications to phylogenetic placements // *Bioinformatics.* 2013. Vol. 29, № 22. P. 2869–2876.
13. Pons J. et al. Sequence-Based Species Delimitation for the DNA Taxonomy of Undescribed Insects // *Syst. Biol.* 2006. Vol. 55, № 4. P. 595–609.
14. Esselstyn J.A. et al. Single-locus species delimitation: a test of the mixed Yule-coalescent model, with an empirical application to Philippine round-leaf bats // *Proc. R. Soc. B Biol. Sci.* 2012. Vol. 279, № 1743. P. 3678–3686.
15. Fujisawa T., Barraclough T.G. Delimiting species using single-locus data and the generalized mixed yule coalescent approach: A revised method and evaluation on simulated data sets // *Syst. Biol.* 2013. Vol. 62, № 5. P. 707–724.