

ОТЗЫВ

на автореферат диссертации Жуковой Алины Александровны “Генетический полиморфизм трематод рода *Leucochloridium*” на соискание ученой степени кандидата биологических наук по специальностям 03.02.11 – “паразитология” и 03.03.04 – “клеточная биология, цитология, гистология”

Диссертационная работа Жуковой А.А. изложена на 131 странице (не включая Приложения) и состоит из Введения, глав “Литературный обзор”, “Материалы и методы”, “Результаты и обсуждение”, состоящей из пяти подглав и “Выводов”. Список литературы включает 173 источника, из которых 142 на иностранном языке. Работа содержит 38 рисунков и 11 таблиц.

Работа Жуковой А.А. посвящена изучению морфологии, генетического разнообразия и филогенетических связей дигенетических сосальщиков (тремадод) рода *Leucochloridium*. Подобный комбинированный подход в настоящее время является обязательным при описании новых видов и характеризации уже описанных, поскольку использование исключительно морфологических характеристик может привести к ошибочным результатам. Соискателем были изучены и грамотно описаны особенности строения спороцист, их развития в тканях моллюска и интенсивность заражения, включая случаи множественной инфекции.

Молекулярно-генетический анализ включает в себя RAPD анализ (некогда популярный метод исследования генетической изменчивости, однако обладающий рядом недостатков, указанных в автореферате) и метод специфической PCR с последующим прямым секвенированием. Выбранный в качестве маркера кластер рДНК обладает целым рядом преимуществ, таких как наличие консервативных и вариабельных элементов, что позволяет использовать его для филогенетических построений на разных таксономических уровнях. Очевидными преимуществом работы является определение нуклеотидной последовательности полноразмерного участка рДНК. Большим плюсом является также использование моделей вторичных структур для внутренних транскрибуемых спайсеров. Последовательности ITS1 и ITS2 являются наиболее изменчивыми участками рДНК, и их выравнивание с родственными таксонами зачастую вызывает большие трудности. В свою очередь, правильно выполненное выравнивание нуклеотидных последовательностей значительно улучшает дальнейший анализ, в особенности филогенетические построения. В случае, когда выравнивание с помощью штатных алгоритмов не дает желаемого результата, принято использовать вторичные структуры, элементы которых являются более консервативными даже на уровне

межродовых сравнений. Филогенетические построения выполнены с использованием метода максимального правдоподобия и включают все полученные в работе элементы ядерной рДНК. Проведенный анализ подтвердил филогенетическое положение исследуемой группы, основанное на морфологических признаках.

В качестве продолжения данной работы хотелось бы видеть реконструкции вторичной структуры 18S и 28S рДНК, поскольку таких данных для трематод в литературе не представлено. Кроме того, полученные вторичные структуры ITS2 могут быть реконструированы в соответствии с общей моделью ITS2 для трематод (Morgan, Blair. Trematode and Monogenean rRNA ITS2 Secondary Structures Support a Four-Domain Model. *J. Mol. Evol.* 1998 47:406-419), что позволит провести сравнительный анализ большего числа таксономических единиц. К недостаткам работы можно отнести отсутствие обоснования использования неукорененных филогенетических древ. Однако данный недостаток нисколько не умаляет качества диссертационной работы, а ее автор – Жукова Алина Александровна – заслуживает присвоения степени кандидата биологических наук.

Старший научный сотрудник,
Кандидат биологических наук
лаборатории паразитологии
Федеральное государственное бюджетное
учреждение науки “Федеральный научный центр
биоразнообразия наземной биоты Восточной Азии”
ДВО РАН

908

Рожкован Константин Васильевич

690022, г. Владивосток, проспект 100-летия Владивостока, 159
Тел.: +7-966-280-40-63, e-mail: 27.tomcat@gmail.com

Подпись Рожкова К.В. заверяю,
Начальник отдела кадров
ФНЦ Биоразнообразия ДВО РАН

1 февраля 2017



Шушунова Елена Александровна