

## Отзыв

на автореферат диссертации О.А. Радченко «Систематика и филогения бельдюговидных рыб подотряда Zoarcoidei (Pisces, Perciformes)»,

представленной на соискание ученой степени доктора биологических наук по специальностям 03.02.06 - ихтиология и 03.02.07 - генетика

Цель обширного исследования Ольги Аркадьевны Радченко, представленного в настоящей докторской диссертации - определение родственных отношений и разработка системы бельдюговидных рыб подотряда Zoarcoidei на основании молекулярно-генетических данных. Выбор темы вполне убедительно обоснован автором. Количество бельдюговидных рыб в региональных фаунах дальневосточных морей России достигает 30-40% от общего числа видов и составляет значительную часть ядра морской ихтиофауны Северного полушария. К тому же подотряд Zoarcoidei таксономически очень разнообразен и включает 9 семейств, 100 родов и 400 видов, из которых 240 видов 8 семейств обитают в российских дальневосточных морях, а 160 видов - эндемики этих вод. Но существующая система подотряда, основанная на анализе морфологических признаков, по данным разных авторов неоднозначна, противоречива и нуждается в дальнейшей разработке и уточнении. Поэтому вполне актуальна и оправдана филогенетическая и систематическая ревизия подотряда Zoarcoidei, проделанная диссертантом на молекулярно-генетической основе. Впервые для такого исследования в качестве филогенетических маркеров О.А.Радченко использовала гены и митохондриального (гены субъединицы I цитохромоксидазы, цитохрома b, субъединицы 16S рРНК), и ядерного (гены RNF213, родопсина, RAG1) геномов, в том числе комбинированный анализ этих маркеров. В ряде случаев для уточнения состава и статуса некоторых таксонов применялся комплексный подход, включавший анализ молекулярно-генетических и морфологических признаков.

Объем выполненных диссертантом исследований очень обширен как по числу изученных видов - 107 видов из 57 родов и 8 семейств (392 экз. из морей северо-западной и северо-восточной Пацифики и северной Атлантики), так и по количеству экспериментальных и компьютерных анализов и полученных данных. Далее отмечу основные результаты.

По нуклеотидным последовательностям вышеназванных маркеров определены уровни генетической дифференциации между таксонами разного ранга для подотряда Zoarcoidei. Показано, что данные маркеры позволяют идентифицировать таксоны бельдюговидных рыб и их группы посредством таксон-специфических мутаций; более полиморфные гены CO1 и цитб мтДНК хорошо подходят для определения родства родов и видов, а более консервативные ядерные гены RNF213, RAG1, родопсина и мт-ген 16S рРНК эффективны на уровне семейств и подсемейств. Изученные гены, как установлено специальными тестами, находятся под действием отрицательного отбора.

Для филогенетических построений по молекулярно-генетическим данным были использованы различные современные компьютерные методы анализа: максимальной

экономии, максимального правдоподобия, байесовский анализ. Автор показывает, что отличия топологий филогенетических деревьев, построенных по данным о генах мтДНК и яДНК, статистически незначимы, наборы этих данных конгруэнтны и могут анализироваться в виде объединенных ДНК-последовательностей (общей длиной 4730 пар нуклеотидов). Такого рода анализ был выполнен и позволил уточнить для подотряда *Zoarcoidei* состав и статус некоторых таксонов видового и родового ранга, определить систематическую принадлежность таксонов с неясным или спорным положением, выявить родственные отношения видов, родов и подсемейств в семействах данного подотряда. В частности, на основе молекулярно-генетических данных автор предложила включить в систему подотряда пять новых семейств.

На этой основе была осуществлена реконструкция общей системы подотряда и найдены наиболее близкие к общему гипотетическому предку и эволюционно наиболее молодые семейства. Исходя из этих данных, диссертант провела анализ соответствия филогенетических и систематических отношений в подотряде *Zoarcoidei*, которые были установлены по молекулярно-генетическим и по морфологическим данным, выявив сходство и различия.

По данным о нуклеотидных последовательностях мтДНК и яДНК, с использованием дат ископаемых находок для калибровки «молекулярных часов», были получены оценки времени дивергенции таксонов изучаемого подотряда. Дивергенция началась в конце олигоцена-начале миоцена. Наиболее вероятное время появления и расселения современных видов подотряда относится к периоду позднего миоцена-середины плиоцена. Полученные оценки темпов дивергенции ДНК бельдюговидных рыб совпадают с существующими эволюционными гипотезами.

Как показывает диссертант, гены митохондриального и ядерного геномов содержат разные филогенетические сигналы, дополняющие друг друга при совместном анализе. Их комбинированный анализ имеет высокую разрешающую способность для дифференциации разных таксономических уровней в изученном подотряде и, по мнению автора, с которым нельзя не согласиться, может оказаться эффективным для оценки биологического разнообразия других групп рыб.

Выводы хорошо сформулированы и отражают основные результаты проведенного исследования, которые полностью соответствуют поставленным целям и задачам работы. Автореферат дает представление о всех основных материалах и положениях диссертации, написан хорошим ясным языком. Принципиальных замечаний к тексту автореферата нет. Единственное замечание касается неудачного выражения в выводе 11 на с.43: «Гены ... содержат разные филогенетические данные...». В данном контексте уместнее не данные, а сигналы. В целом же диссертационная работа заслуживает высокой оценки благодаря масштабности, тщательности и продуктивности проведенного исследования.

Таким образом, автореферат свидетельствует о том, что представленная к защите диссертационная работа соответствует необходимым требованиям и является актуальным, хорошо спланированным и крупным содержательным исследованием, научная новизна и

научно-практическая значимость которого не вызывают сомнений. Автор данного исследования **Ольга Аркадьевна Радченко** безусловно заслуживает присвоения звания доктора биологических наук по специальностям: 03.02.06 - ихтиология и 03.02.07 - генетика.

Салменкова Елена Александровна  
кандидат биологических наук  
ведущий научный сотрудник  
Лаборатории популяционной генетики  
ФГБУН Института общей генетики им. Н.И. Вавилова  
Российской академии наук

119991, Москва ГСП-1, ул.Губкина, д. 3  
Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова Российской академии наук  
Т. 8(499) 135-62-13, [www.vigg.ru](http://www.vigg.ru)  
e-mail: [salm@vigg.ru](mailto:salm@vigg.ru)

---

06.11.2015

Подпись Салменковой Елены Александровны удостоверяю  
Ученый секретарь Института общей генетики им. Н.И. Вавилова  
Российской академии наук,  
доктор биологических наук  
Огаркова Ольга Александровна