



МИНИСТЕРСТВО НАУКИ И ВЫСШЕГО
ОБРАЗОВАНИЯ РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ

РОССИЯСА НАУКА ДА ВЫЛЫС ВЕЛӨДЧАН
МИНИСТЕРСТВО

Федеральное государственное
бюджетное учреждение науки
Федеральный исследовательский центр
«Коми научный центр Уральского отделения
Российской академии наук»
(ФИЦ Коми НЦ УрО РАН)

«Россияса наукаяс академиялөн
Урал юкөнса Коми наука шöрин»
туялан удж нүөдысь федеральнöй шöрин
Федеральнöй канму
сьömкүд наука учреждение
(ТФШ РНА УрЮ Коми НЦ)



УТВЕРЖДАЮ
Директор ФИЦ Коми НЦ УрО РАН
С.В. Дёгтева
2024 г.

ОТЗЫВ ВЕДУЩЕЙ ОРГАНИЗАЦИИ

Федерального государственного бюджетного учреждения науки
Федеральный исследовательский центр
«Коми научный центр Уральского отделения РАН» (ФИЦ Коми НЦ УрО РАН)
на диссертацию Жуйковой Елены Викторовны
на диссертацию Жуйковой Елены Викторовны
«Состав и экологические особенности филогенетических линий *Fomes fomentarius* (L.) Fr.
в Северной Азии», представленную на соискание ученой степени кандидата
биологических наук по специальностям
1.5.15 Экология (биологические науки)
1.5.18 Микология (биологические науки)

Актуальность темы диссертационной работы. Диссертационная работа Е.В. Жуйковой посвящена изучению генетической изменчивости одного из широкоареальных видов дереворазрушающих грибов *Fomes fomentarius* (L.) Fr. в азиатской части России (Урал, Сибирь, Дальний Восток). Вид широко распространен в Евразии и Северной Америке, имеет важное значение в процессе разложения древесины и древесных остатков, является перспективным источником биологически активных и лекарственных соединений. Широкое распространение, высокая численность и экологическая пластичность этого вида дают основание предполагать наличие у него высокого уровня генетической изменчивости. Вопрос генетической изменчивости вида в разных частях ареала изучен достаточно хорошо, однако образцы из азиатской части России ранее не подвергали специальному молекулярно-генетическому исследованию. Полученные Е.В. Жуйковой данные о генетической и эколого-географической изменчивости *F. fomentarius* позволят расширить его биотехнологическое использование.

Новизна научных результатов и выводов. Автор впервые провел молекулярно-генетические исследования образцов одного из широко распространенных видов ксилотрофных грибов – *F. fomentarius*, из азиатской части России. Показано, что на данной территории вид является генетически гетерогенным и состоит из нескольких криптических филогенетических линий и сублиний. Установлено, что филогенетические линии образцов из азиатской части России соответствуют описываемым в Европе симпатрическим криптическим видам – *F. fomentarius sensu stricto* и *F. inzengae* (Ces. & De Not.) Cooke. Наибольшее распространение в Северной Азии имеет *F. fomentarius* s. str. – бореальный вид, преимущественно ассоциированный с видами рода *Betula*,

Общий отдел ИЭРиЖ
УрО РАН
Вх. № 48
От 26.01.2024 г.

представленный двумя филогенетическими сублиниями; *F. inzengae* – новый для Северной Азии редкий неморальный вид, для которого Урал является восточной границей распространения, встречается преимущественно на древесных остатках представителей рода *Populus*.

Теоретическая и практическая значимость работы. Полученные данные о генетической изменчивости *F. fomentarius* значительно расширяют имеющиеся знания об одном из широко распространенных экологически важных деструкторов древесного дебриса в лесных экосистемах ранее не исследованных в этом отношении территорий Урала, Сибири и Дальнего Востока. Сведения о генетической изменчивости настоящего трутовика, составе и экологии его филогенетических групп необходимы для использования этого вида в биотехнологии, а также для разработки методов диагностики фитосанитарного состояния лесов с применением молекулярно-генетических методов. Результаты работы используются в курсах лекций «Альгология и микология», «Экологическая физиология грибов», читаемых студентам Института естественных наук и математики Уральского федерального университета им. первого Президента России Б.Н. Ельцина.

Личный вклад соискателя в разработку проблемы. Автор принимал непосредственное участие на всех этапах выполнения диссертационной работы: в формулировании целей, задач, выводов, защищаемых положений; в сборе полевых материалов; в проведении лабораторных работ по выделению ДНК и анализу полученных результатов; в обобщении данных литературы и обработке полученных оригинальных результатов. Тексты диссертационной работы и автореферата написаны Е.В. Жуйковой лично.

Основные результаты исследования апробированы на семи международных и всероссийских научных конференциях. По теме диссертации Е.В. Жуйковой в соавторстве опубликованы три статьи в журналах, рекомендованных ВАК РФ для защиты диссертаций на соискание ученой степени кандидата биологических наук.

Оценка содержания диссертации. Цель диссертационной работы Е.В. Жуйковой заключается в изучение генетического разнообразия и экологических особенностей *F. fomentarius* в Северной Азии. Работа состоит из введения, 5 глав, выводов, списка литературы, включающего 183 источника (из них 126 на иностранных языках), и шести приложений. Общий объем составляет 153 страницы машинописного текста, работа содержит 23 рисунка и 17 таблиц. Текст изложен хорошим научным языком, легко читается.

Во введении обоснована актуальность исследования, сформулирована цель, определены задачи работы, показаны научная новизна, теоретическая и практическая значимость исследования. Сформулированы основные положения, выносимые на защиту.

В главе 1 содержатся сведения об объектах и методах исследований. В первом разделе данной главы автором дана подробная характеристика объекта исследования – *F. fomentarius* (строение плодового тела, распространение, роль в экосистемах и промышленное использование). Помимо собственных сборов автора (134 образца) в работе использованы сборы научного руководителя д.б.н., профессора В.А. Мухина (120 образцов). Для молекулярно-генетического анализа использованы 94 образца. Полученные последовательности депонированы в GenBank NCBI. Выделение ДНК, ПЦР и электрофорез выполнены согласно стандартным протоколам в лаборатории молекулярной генетики растений и грибов Института естественных наук и математики Уральского федерального университета имени первого Президента России Б.Н. Ельцина (г. Екатеринбург). Другая часть работ выполнена в лаборатории систематики и географии грибов Ботанического института им. В.Л. Комарова РАН (г. Санкт-Петербург). Филогенетические деревья построены методом присоединения соседей (NJ), согласно двухпараметрической модели Кимуры (Kimura, 1980).

Глава 2 посвящена анализу филогенетического состава *F. fomentarius* на Урале. В начале главы автор приводит физико-географическую характеристику Уральской горной

страны и обзор литературы об афиллофоровых грибах и, в частности, работ, касающихся *F. fomentarius* на данной территории. На основании обработки имеющихся коллекций автором сделан вывод о широком распространении *F. fomentarius* на Урале. Представлены результаты филогенетического анализа 59 образцов *F. fomentarius* с Приуралья, Урала и из Зауралья. Проведено сравнение полученных данных с ранее опубликованными сведениями для других территорий. Для территории Урала автор выявил две филогенетические линии *F. fomentarius* (A2 и B), соответствующие двум криптическим видам: *F. fomentarius* s. str. и *F. inzengae*. Приведен обзор литературы, дающий представление об отличии и сходстве этих видов.

В главе 3 рассмотрен филогенетический состав *F. fomentarius* в азиатской части России. В начале главы приведен обзор работ о находках *F. fomentarius* на этой территории. Далее представлены результаты филогенетического анализа 17 последовательностей образцов из Сибири и с Дальнего Востока, проведено сравнение полученных данных с ранее опубликованными сведениями для других территорий. Автор выявил две филогенетические сублинии (A1 и A2), рассмотрел их отличие и сходство как между собой, так и с данными литературы. На основании сведений доступной литературы проведен анализ морфологии плодовых тел двух выявленных сублиний.

В главе 4 приведена эколого-географическая характеристика филогенетических линий, известных для *F. fomentarius*. Обобщены сведения литературы и собственные данные автора о распространении и экологических особенностях этих линий. Так, сублиния A1, ранее известная только для Северной Америки, впервые отмечена на Дальнем Востоке. Проанализировано распределение по приуроченности к субстратам базидиом разных филогенетических линий.

В главе 5 рассмотрен таксономический статус филогенетических линий *F. fomentarius*. Автор приводит обзор литературы, отражающей современные представления о генетической структуре *F. fomentarius* s. lat. по результатам молекулярно-генетических исследований. На основании данных источников литературы рассмотрены критерии разграничения видов по результатам генетических исследований. В заключительном разделе главы обобщены все полученные в результате исследования сведения о генетическом разнообразии *F. fomentarius* в азиатской части России. Для исследуемой территории выявлено три сублинии данного вида (A1, A2, B2). Рассчитано нуклеотидное сходство и различие между ними.

Выводы соответствуют задачам, определенным в рамках поставленной цели диссертационной работы, и подтверждают защищаемые положения. Текст диссертационной работы написан хорошим литературным языком. Содержание автореферата соответствует содержанию диссертации.

Замечания и вопросы к диссертации

1. Автор некорректно использует термин «популяция» (цель исследования и первая задача), который в дальнейшей работе никак не использует. Его следовало заменить термином «филогенетические линии (генотипы)». Собственно в самой работе автор оперирует именно этим термином и проводит молекулярно-филогенетический анализ, результатом которого является построение филогенетического дерева исследуемых организмов, а не изучения генетического разнообразия на популяционно-видовом уровне, который в свою очередь потребовал бы использования методов популяционной генетики, например фрагментного анализа (ISSR, SSR, AFLP и др.).

2. Не совсем корректно сформулирована научная новизна исследования. Автор пишет: «Впервые с использованием молекулярно-генетических методов на примере настоящего трутовика проведено изучение генетической изменчивости и структуры широкоареальных видов ксилотрофных грибов». Такие исследования ранее уже проводили, нужно конкретно указать, что данные получены для территории Северной Азии.

3. Сколько образцов *F. fomentarius* всего было проанализировано и использовано в работе? В разделе 1.2 указаны 254 образца (стр.16), затем упомянуты еще 64 образца из Музея ИЭРиЖ УрО РАН (стр. 17, 30). Все они были использованы в работе?
4. Непонятен выбранный автором объем выборки для генетического анализа. Всего отобрано 94 образца, из них к исследуемой территории относятся только 67 (50 образцов – Урал, 17 – азиатская часть России). Однако, как видно из таблицы 1.1, автор располагает необходимыми материалами. Так, для Сибири имеются 26 образцов, для Дальнего Востока – 22. Логично было добавить эти образцы в молекулярный анализ.
5. Непонятно, с какой целью диссертант описывает полученные чистые культуры, если их сиквенсы идентичны сиквенсам образцов, из которых они были получены (стр. 25-26), и в дальнейшем этот материал в работе никак не использован. Таблица 1.3 в таком случае выглядит избыточной. Аналогичное замечание можно сделать и в отношении 216 последовательностей, привлеченных из GenBank (приложение Д1). Их автор так же не применяет в работе, а для анализа использует лишь 28 сиквенсов из нескольких литературных источников.
6. Корректность выбранных диссертантом методов не вызывает сомнений. Однако в работе нет табличной информации о полученных последовательностях и выравнивании (длина сравниваемых последовательностей, общая длина выравнивания и т.д.), по которым косвенно можно судить о наличии/отсутствии инделов и других характеристиках в сравниваемых последовательностях. Автором диссертационной работы в качестве метода для молекулярно-филогенетического анализа был выбран метод присоединения соседей (NJ) согласно двухпараметрической модели Кимуры. В тексте работы не пояснено, почему выбор сделан в пользу дистанционного метода построения дерева, а не в пользу метода анализа дискретных признаков, таких как, например, максимум экономии (MP) или максимум правдоподобия (ML). Была ли построена филогения с использованием дискретных методов? Если да, то, что она показала и была ли сходна с представленной в работе филогенией? При отсутствии характеристик выравнивания непонятен выбор модели Кимуры; чем руководствовался автор работы при выборе модели? Или модель была выбрана в программе по умолчанию?
7. Каждая глава содержит обзор литературы, что не совсем удобно для четкого понимания проблемы и поставленной цели исследования. Логичнее, на наш взгляд, посвятить обзору литературы отдельную, первую главу работы и подробно описать в ней проблемы выделения видов у грибов на основании молекулярных данных, дать определения и характеристику криптологических видов, обобщить имеющиеся в литературе сведения о филогенетических линиях *F. fomentarius*, и, как итог, на основании этого определить цель и задачи исследования.
8. В тексте диссертации проведено сравнение только молекулярно-генетических данных исследуемых образцов разных линий *F. fomentarius*. На наш взгляд, было бы интересно провести и морфологический анализ этих образцов, сравнить макро- и микропризнаки (число пор на 1 см, размер базидиоспор, диаметр скелетных гиф и др.) образцов разных филогенетических линий, поскольку такие данные для исследуемой территории отсутствуют. Это значительно повысило бы ценность работы.
9. Автор приводит много рисунков (рис. 1.2, 1.3, 2.4, 3.4, 4.1, 4.2, 5.1, 5.2), заимствованных из источников литературы. Логичнее было поместить их в отдельную главу, содержащую обзор литературы.
10. В разделе 2.2 (стр. 37) указан уровень сходства между линиями А и В 97.66%, а в главе 5 (стр. 82) – уже 95.8–96.3%. Аналогичная ситуация и по нуклеотидной дивергенции, в главе 2 (стр. 41) приведено значение 1.22%, а в главе 5 (стр. 80) – 1.46%. Почему эти данные разнятся?
11. Приложение В «Описание датасета «*Fomes fomentarius* in the Urals and adjacent territories from the Institute of Plant and Animal Ecology herbaria»» не имеет отношение к работе.


Заключение


Несмотря на вышеуказанные замечания, считаем, что диссертационная работа Е.В. Жуйковой представляет собой самостоятельное законченное научное исследование. Цель и задачи, поставленные автором, выполнены в полном объеме. Полученные автором результаты обладают научной новизной, базируются на оригинальных данных, обработанных с использованием современных методов, хорошо апробированы и опубликованы, в том числе в журналах из списка ВАК. Содержание автореферата соответствует содержанию диссертации.


Диссертация «Состав и экологические особенности филогенетических линий *Fomes fomentarius* (L.) Fr. в Северной Азии» соответствует требованиям, предъявляемым к кандидатским диссертациям Положением о присуждении ученых степеней (пп. 9-11, 13, 14), утвержденным постановлением Правительства Российской Федерации от 24.09.2013 г. №842 с изменениями, утвержденными постановлением Правительства Российской Федерации от 20.03.2021 г. № 426, а ее автор Елена Викторовна Жуйкова заслуживает присуждения ученой степени кандидата биологических наук по специальностям 1.5.15 – экология (биологические науки) и 1.5.18 – микология (биологические науки).

Диссертация и отзыв рассмотрены и одобрены на расширенном заседании отдела флоры и растительности Севера Института биологии Коми научного центра Уральского отделения Российской Академии наук – обособленного подразделения ФГБУН Федеральный исследовательский центр «Коми научный центр Уральского отделения РАН» (ФИЦ Коми НЦ УрО РАН) (протокол № 1 от 17 января 2024 г.).

Отзыв подготовили:

Паламарчук Марина Анатольевна 
Кандидат биологических наук (1.5.9 «Ботаника»),
Старший научный сотрудник,
Отдел флоры и растительности Севера с научным гербарием,
Институт биологии ФИЦ Коми НЦ УрО РАН

Косолапов Денис Александрович 
Кандидат биологических наук (1.5.18 «Микология»),
Научный сотрудник,
Отдел флоры и растительности Севера с научным гербарием,
Институт биологии ФИЦ Коми НЦ УрО РАН

Шадрин Дмитрий Михайлович 
Кандидат биологических наук (1.5.20 «Биологические ресурсы»),
Руководитель,
Центр коллективного пользования «Молекулярная биология»,
Институт биологии ФИЦ Коми НЦ УрО РАН


Организация: Федеральное государственное бюджетное учреждение науки Федеральный исследовательский центр «Коми научный центр Уральского отделения Российской академии наук» (ФИЦ Коми НЦ УрО РАН)

Сайт: <http://www.komisc.ru>

E-mail: info@frc.komisc.ru

Тел.: (8212) 24-10-26, факс: (8212) 24-22-64

Почтовый адрес: Коммунистическая ул., д. 24, Сыктывкар, ГСП-2, Республика Коми, 167982

Подписи Паламарчук М.А.
Косолапов Д.А.
Шадрина Д.М.  заверяю.

Начальник общего отдела
ФИЦ Коми НЦ УрО РАН


М.Н. Леонова

22.01.2024