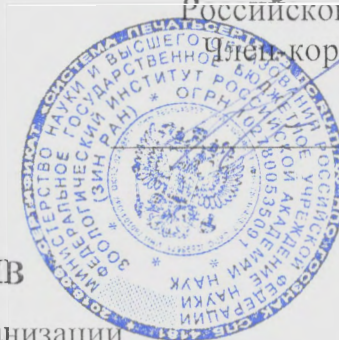


УТВЕРЖДАЮ
Директор Федерального государственного
бюджетного учреждения науки
Зоологического института
Российской академии наук,
Член-корреспондент РАН



Чернецов Н.С.
6 ноября 2025 г.

ОТЗЫВ

ведущей организации

на диссертационную работу Севастьянова Никиты Сергеевича “ЭВОЛЮЦИЯ
БРАЧНЫХ СИГНАЛОВ И ВИДООБРАЗОВАНИЕ САРАНЧОВЫХ
ПОДСЕМЕЙСТВА GOMPHOCERINAE (ORTHOPTERA, ACRIDIDAE)”,
представленную на соискание ученой степени кандидата биологических наук по
специальности 1.5.8. – Математическая биология, биоинформатика

Основные научные результаты и их актуальность для науки и практики

Диссертационное исследование Никиты Сергеевича Севастьянова направлено на изучение эволюции акустических призывных сигналов и других механизмов коммуникации у саранчовых подсемейства Gomphocerinae и анализ роли этих изменений в процессах формирования презиготической репродуктивной изоляции, то есть, по сути, в процессах видообразования.

В работе и в результатах Н.С. Севастьянова можно выделить три аспекта. Первый аспект – этологический – изучение поведения самцов и самок анализируемых видов с акцентом на анализ акустических сигналов в прекопуляционный период. Эта часть исследования нашла отражение в главах 1 и 2, посвященных анализу акустических сигналов и их параметризации.

Второй аспект – филогенетический - реконструкция филогенетических отношений между видами и эволюционными линиями на основании анализа молекулярных маркеров, использование этой реконструкции для выявления филогенетического сигнала акустических признаков, реконструкция анцестральных состояний этих признаков и изучение эволюционных преобразований этих признаков в филогенезе (главы 3 и 4).

Третий аспект, непосредственно вытекающий из второго – эволюционный - анализ роли акустических сигналов и их изменений в процессах видообразования и выяснение механизмов, которые были драйверами эволюционных изменений (глава 5).

Все эти аспекты объединяются тем, что для их изучения были привлечены современные методы биоинформатики и математической биологии, что оправдывает специальность (1.5.8. – Математическая биология, биоинформатика), по которой происходит защита и, кроме того, соответствует профилю института, в

котором работа выполнена (изучение эволюции механизмов передачи информации).

Работа выполнена на стыке нескольких специальностей. Помимо четырех уже перечисленных выше (этология, молекулярная филогенетика, эволюционная биология, биоинформатика), это еще физиология (изучение сенсорных систем) и энтомология (изучение саранчовых). Находясь на пересечении нескольких дисциплин, работа имеет широкое общебиологическое звучание и дает стимулы для развития разных направлений в биологии, что определяет ее актуальность.

Поскольку саранчовые имеют хозяйственное значение (некоторые виды наносят урон пастбищам и сельскохозяйственным культурам в период вспышек численности), то изучение механизмов видообразования и причины нарушения этологических барьеров между близкородственными видами саранчовых может в перспективе иметь значение для практики.

Научная новизна, достоверность и значимость результатов

Научная новизна диссертационного исследования определяется несколькими составляющими. Первое, это получение новой, наиболее полной и наиболее обоснованной филогенетической реконструкции подсемейства Gomphocerinae. Эта реконструкция с одной стороны является самодостаточной как основа для построения таксономической системы подсемейства, с другой стороны она источник (стимул) для дальнейших таксономических и филогенетических исследований, а с третьей стороны она инструмент для разного рода эволюционных анализов с использованием методов сравнительной филогенетики.

Полученная филогения была использована в диссертационном исследовании Н.С.Севастьянова для выявления филогенетического сигнала акустических признаков и для реконструкции эволюционных трансформаций этих признаков. Этот анализ и его результаты являются второй составляющей диссертации, определяющей ее новизну и значимость. Если говорить более конкретно, то в работе показано, что общий предок Gomphocerinae генерировал призывный сигнал, состоящий из большого числа коротких фраз, а эволюция призывного сигнала шла по пути удлинения фразы и уменьшения их числа.

Важно подчеркнуть, что филогенетический и эволюционный анализы не являются самоцелью в диссертации. На их основе возникает понимание того, что является движущим механизмом эволюции сигналов ухаживания, и это приводит фактически к выявлению механизмов видообразования в тех группах организмов, для которых акустическая сигнализация является нормой. Изучение акустически обусловленных прекопуляционных механизмов репродуктивной изоляции – это еще одна составляющая работы, определяющая ее новизну и значимость.

Достоверность полученных результатов не вызывает сомнения в первую очередь потому, что они были получены с использованием широкого спектра современных методов и методологий, которые детально описаны в публикациях автора и в самой диссертации и, как показывает анализ данных и выводов, адекватно применены. Все полученные молекулярные данные депонированы в Генетическом банке и доступны для проверки и повторного использования. Результаты исследования опубликованы в высокорейтинговых международных научных журналах, и соответственно, прошли строгую и квалифицированную проверку, осуществленную рецензентами.

Структура и содержание диссертации

Диссертационная работа изложена на 147 страницах (без учета приложений) и построена по плану классической экспериментальной работы, то есть включает разделы Введение, Обзор литературы, Материал и Методы, Результаты и Обсуждение, разделенные на пять глав, каждая со своими выводами, Заключение, Выводы и Список литературы. Диссертация написана хорошим языком, четко структурирована и читается с большим интересом.

ОБЗОР ЛИТЕРАТУРЫ дает полное представление о том, что было известно ранее, до проведения исследования по вопросам акустической коммуникации у Gomphocerinae, эволюции акустических сигналов, их роли в видообразовании, а также о методах и методологиях, с помощью которых изучаются эти проблемы.

Следующая глава описывает используемые в работе материалы и методы. Здесь следует отметить колоссальную выборку особей и таксонов, были использованы для филогенетического анализа, параметризации и кодирования акустических сигналов и для реконструкции анцестральных состояний изучаемых признаков. Как мне представляется, именно объем и адекватность используемой выборки образцов позволили решить все основные задачи исследования.

Глава РЕЗУЛЬТАТЫ и ОБСУЖДЕНИЕ разделена на пять глав, которые соответствуют пяти основным линиям проведенного исследования: филогенетическая реконструкция, параметризация акустических сигналов, реконструкция эволюции призывных сигналов, реконструкция эволюции сигналов ухаживания и обсуждение роли акустической коммуникации в видообразовании у саранчовых подсемейства Gomphocerinae.

Короткое заключение (одна страница) и шесть выводов (одна страница) в значительной степени дублируют друг друга при том, что заключение написано в форме аннотации о том, что было сделано, а выводы в форме положений, констатирующих, что было получено.

ВЫВОДЫ работы сформулированы корректно и резюмируют проведенные исследования, полученные результаты и вытекающие из них заключения.

Автореферат построен по стандартной схеме, отлично оформлен, полностью отражает содержание диссертационной работы.

Следует отметить публикации по теме диссертации: это семь статей в хорошо известных всем биологам рецензируемых журналах. *Cе́нсорные системы*, *Zoologica Scripta*, *Zootaxa*, *Insects* и *ZooKeys*. Следует отметить, что одна из этих статей, отмеченная в автореферате и диссертации как находящаяся в печати (in press), была опубликована 23 октября 2025 в журнале *Zoologica Scripta*.

Замечания

Просматривая взятые из ГенБанка образцы секвенсов и выравниваний, полученных диссертантом и используемых в исследовании, я обратил внимание на довольно низкую межвидовую изменчивость ядерных маркеров, используемых для филогенетического анализа, и небольшое число нуклеотидных замен в выравниваниях. С этим хорошо согласуется и тот факт, что поиск оптимальных моделей нуклеотидных замен выбрал для ядерных последовательностей наиболее простую модель JC (Jukes and Cantor), как раз рассчитанную для малозменчивых маркеров. В связи с этим возникают вопросы: насколько велик вклад ядерных маркеров в полученную реконструкцию филогенеза, которая на самом деле в

большей степени отражает эволюцию митохондриальных генов, как несущих БОльший филогенетический сигнал? Изменится ли топология дерева и уровень поддержек клад, если вообще убрать данные ядерные маркеры? Кроме того, в диссертации говорится о случаях митохондриально-ядерных несоответствий (mito-nuclear discordance) у Gomphocerinae. Можно ли в таком случае вообще делать конкатенирование ядерных и митохондриальных маркеров? Делался ли анализ на соответствие-несоответствие (непротиворечивость) митохондриальных и ядерных топологий?

Как и можно ожидать в случае некодирующих последовательностей, выравнивание использованных ядерных маркеров (ITS1, ITS2) выявляло значительное число инделей. Как они интерпретировались (учитывались – не учитывались) при проведении филогенетических реконструкций?

В диссертации сказано, что для реконструкции филогении использовали только те виды, для которых имелась информация по звуковым сигналам, с целью последующей реконструкции анцестральных состояний признаков звукового сигнала. Мой вопрос: есть ли другие виды этого подсемейства, для которых имелась информация по молекулярным маркерам, но не по акустическим сигналам? Если да, то, может быть, имело смысл использовать для реконструкции все виды, так как неполнота выборки существенно ослабляет филогенетический анализ? А при проведении реконструкции анцестральных состояний кодировать состояния неизученных акустических сигналов как неизвестные?

При конкатенировании разных маркеров диссертант использовал данные (по крайней мере частично), полученные для одного вида разными авторами и от разных особей из разных частей ареала. Такой тип конкатенирования, приводящий к химерным последовательностям, допустим при выявлении филогенетических отношений таксонов надвидового ранга, но не внутривидового ранга. Но он требует обязательного пояснения, так как генетически особи из разных популяций могут быть пенидентичными.

Поскольку диссертация защищается по специальности “Математическая биология, биоинформатика”, то у меня возникает вопрос-замечание более общего характера, связанного с использованием Байесова подхода к реконструкции филогенеза. Как отмечает Фельзенштейн (Felsenstein, 2004, pages 301–304), один из гуру теоретической филогенетики, который несколько раз цитируется в диссертации), хотя нет оснований сомневаться в адекватности Байесова подхода или, тем более, в теореме Байеса, конкретной проблемой байесовой филогенетики является субъективность выбора априорных распределений (priors) и неочевидная адекватность использования неспецифических априорных распределений. “плоских” прайоров (flat priors). Это замечание можно легко спять, если повторить анализ (реконструкцию филогенеза) с использованием метода максимального правдоподобия, который не использует априорные распределения (priors). Скорее всего, будут получены похожие топологии, но если будут различия, то они дадут ценный материал для раздумий.

Все вышеуказанные замечания носят частный характер. Они не умаляют научных достоинств работы Н.С.Севастьянова, не влияют на достоверность полученных результатов и сделанных выводов и не снижают общего, чрезвычайно положительного впечатления от работы.

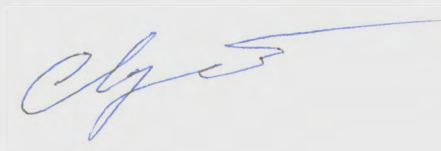
Заключение

Диссертация Севастьянова Никиты Сергеевича “Эволюция брачных сигналов и видообразование саранчовых подсемейства Gomphocerinae (Orthoptera, Acrididae)”, представленная на соискание ученой степени кандидата биологических наук по специальности 1.5.8. – Математическая биология, биоинформатика, является самостоятельным актуальным научным исследованием, обладающим высоким уровнем научной новизны и вносящим существенный вклад в развитие таких научных дисциплин как биоинформатика, эволюционная биология, генетика и энтомология. Результаты исследования опубликованы в семи статьях в ведущих рецензируемых научных журналах, в том числе в трех статьях, в которых Н.С.Севастьянов выступил в роли первого автора. Результаты апробированы и обсуждены на международных и российских конференциях. Все выводы хорошо обоснованы полученными данными. Представленная работа по научной новизне, актуальности, теоретической значимости и другим параметрам полностью соответствует п.п. 9-14 “Положения о присуждении ученых степеней” (утверждено Постановлением Правительства РФ от 24 сентября 2013 г, № 842 с изменениями от 30 июля 2014 г., 21 апреля, 2 августа 2016 г., 29 мая, 28 августа 2017 г., 1 октября 2018 г., 20 марта, 11 сентября 2021 г.), а ее автор, Севастьянов Никита Сергеевич заслуживает присуждения степени кандидата биологических наук по специальности 1.5.8. – Математическая биология, биоинформатика.

Диссертационная работа заслушана и одобрена на семинаре отделения кариосистематики лаборатории систематики насекомых Зоологического института РАН 27 октября 2025 г.

Отзыв составил главный научный сотрудник Зоологического института РАН, доктор биологических наук Лухтанов Владимир Александрович.

Владимир Александрович Лухтанов,
доктор биологических наук,
главный научный сотрудник
лаборатории систематики насекомых



Федерального государственного бюджетного учреждения науки
Зоологический институт Российской академии наук
199034, г. Санкт-Петербург, Университетская набережная 1
Телефон: (812) 328-03-11

Адрес электронной почты: Vladimir.Lukhtanov@zin.ru

Веб - сайт: https://www.zin.ru/staff/Lukhtanov_V.A.html

