

УТВЕРЖДАЮ

Директор ИЭРиЖ УрО РАН

д-р биол. наук М.Г. Головатин

 2025 г.

ОТЗЫВ

ведущей организации ФГБУН Института экологии растений и животных Уральского отделения Российской академии наук (ИЭРиЖ УрО РАН) на диссертационную работу Стрючковой Анастасии Владимировны «Экологическая, пространственная и генетическая дифференцировка вида коллембол *Parisotoma notabilis sensu lato*», представленную в диссертационный совет 24.1.109.01 при ФГБУН ИПЭЭ им. А.Н. Северцова РАН на соискание ученой степени кандидата биологических наук по специальности 1.5.15 – Экология (биологические науки).

Актуальность темы. Внутренняя структура вида была и остается одним из ключевых направлений исследования экологии. Экологическая структура и пространственная организация вида изучается с самого зарождения экологии как науки. Бурное развитие молекулярно-генетических методов позволяет взглянуть на традиционные экологические вопросы под новым углом. Многие отечественные работы по экологии, ставшие классическими, выполнены на примере коллембол. Выбор представителя этой удобной модельной группы для решения поставленных научных задач следует считать удачным решением, а выбранную диссертантом тему – актуальной и в фундаментальном, и в прикладном аспекте.

Научная новизна. Теоретическая и практическая значимость работы. Получены новые генетические данные о *P. notabilis* из различных природных зон, в т.ч. позволившие описать несколько новых генетических линий. Дана общая характеристика распространения линий в Европе и Северной Америке.

Обоснованность и достоверность научных положений и выводов. Работа основывается на оригинальном материале, имеющем достаточный объем, корректную обработку и интерпретацию. Основные результаты были

апробированы на десятке конференций всероссийского и международного масштаба, опубликованы в изданиях из перечня ВАК и входящих в системы цитирования Web of Science и Scopus.

Краткая характеристика основного содержания диссертации.

Диссертация изложена на 146 страницах, проиллюстрирована 28 рисунками, данные представлены в 12 таблицах в основном тексте. Часть первичных данных оформлена в виде таблицы и вынесена в приложение (18 страниц). Рукопись содержит введение, 7 глав, заключение, выводы, списки терминов и сокращений, список литературы, включающий 281 источник, большинство из которых (242) на иностранных языках.

Во **введении** показана актуальность исследования, сформулированы цель и задачи исследования, четыре выносимых на защиту положения, показана теоретическая и практическая значимость исследования, его научная новизна.

В **главе 1** представлен обзор литературы, охватывающий методы молекулярно-генетического анализа почвенных животных в общем и коллембол в частности. Подробно рассмотрены вопросы криптического (скрытого) разнообразия, партеногенеза и экотипов. Представлено исчерпывающее описание морфологии, биологии и экологии модельного вида *P. notabilis*.

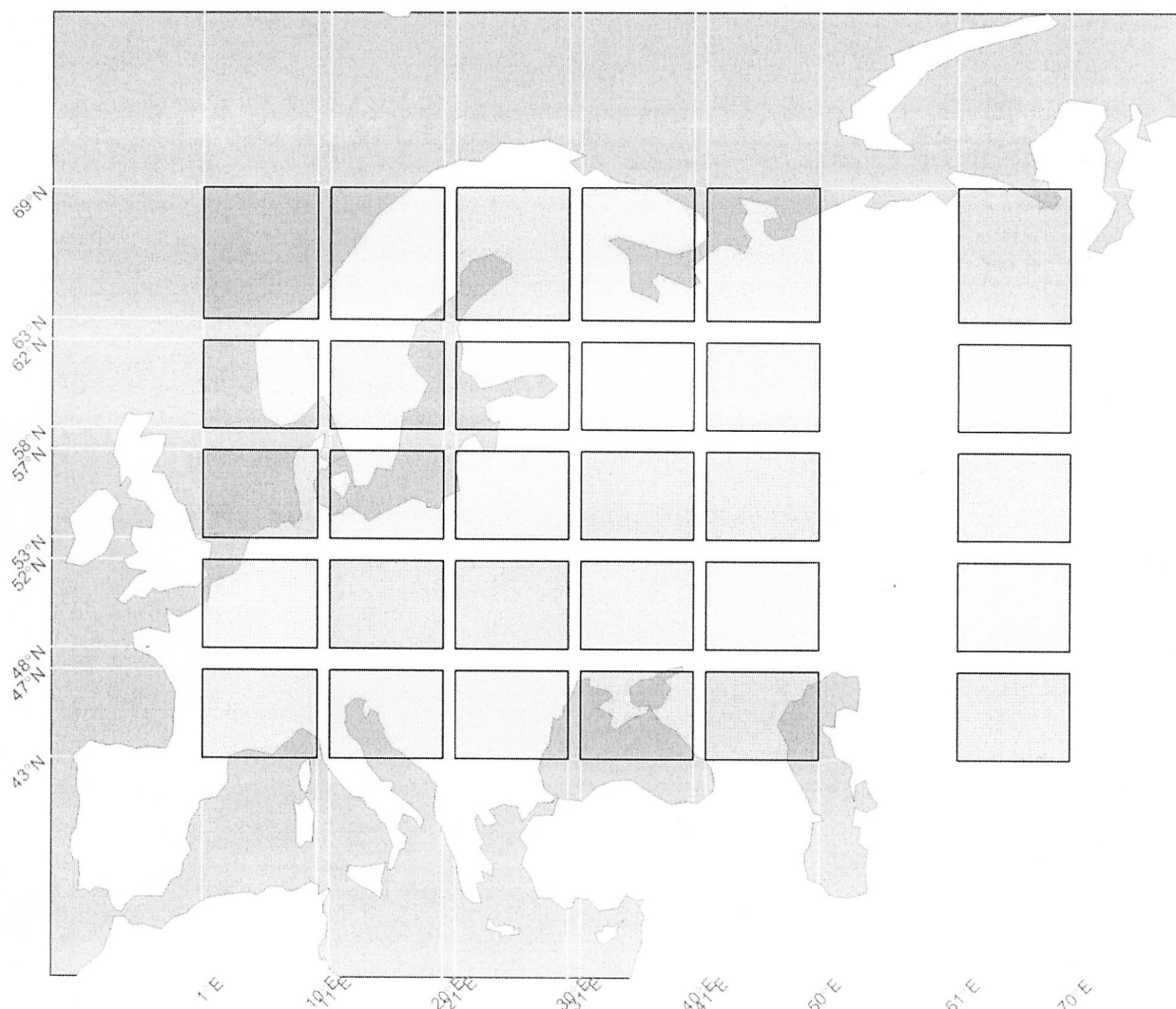
В **главе 2** подробно описываются лежащие в основе исследования подходы. Для лабораторных экспериментов приведены протоколы, а для полевых сборов ещё и принципы выбора мест сбора и количество обследованных участков.

Таблица 6 «Районы исследования» (С. 45) позволяет оценить географический охват исследования качественно, но не количественно. В частности, стоило бы для каждого района указать даты (годы) исследования и объем собранного материала.

«Нами был выбран аналогичный критерий, обладающий более высокой мощностью при сравнении малых выборок – точный критерий Фишера» (С. 64). Само по себе это утверждение неоднозначное. Не понятно, зачем в приоритет ставится мощность анализа, если задача стоит в поиске различий, а не в доказательстве их отсутствия. Неудовлетворительность этого обоснования усугубляется требованием соблюдения большего количества условий для параметрического Фишера, нежели для непараметрического Пирсона.

Диапазон широт и долгот (С. 51) выглядит выбранным произвольно (см. рис.), значительная площадь материка не покрывается ими. Все ли точки отбора проб попадают в обозначенные полигоны? Почему точные координаты точек

отбора проб агрегировали, и в качестве пространственного фактора использовали обширные выделы (категориальный предиктор вместо количественного)?



Глава 3 посвящена анализу имеющейся информации про генетические линии вида *P. notabilis*. Выделены 4 новые генетические линии коллембол, обнаруженные в Кавказском регионе. Генетическое разнообразие модельного вида рассматривается на основе одного фрагмента митохондриального и одного фрагмента ядерного геномов. Почему при построении филогенетического дерева по ядерному гену (рис. 4) отсутствует внешняя группа? Выделение самих линий по разным генетическим маркерам в целом согласуется, хотя в случае ядерного гена линия L-Khosta, по-видимому, не имеет статистической поддержки. На филогенетических деревьях также отсутствуют поддержки для ветвлений более высокого ранга. Если они есть, но просто не указаны автором, то утверждение "В остальном деревья по двум генам согласуются" (стр. 69) некорректно. Также, если бы были указаны статистические поддержки не только собственно генетических

линий, то более логичным казалось объединение по ядерному гену в одну двух линий, выделяемых по COI.

В главе 4 обсуждается географическое распространение генетических линий. Точек немного и степень перекрытия огромная (рис. 5). Чем, кроме экспертного мнения, подтверждаются выводы о географическом распространении, и выделение областей распространения именно в таком объеме?

Глава 5 посвящена анализу биотопической приуроченности генетических линий *P. notabilis*. Предпринята попытка проанализировать встречаемость различных генетических линий не только в разных биотопах, но и в градиенте нарушенности экосистем в нескольких контрастных по условиям среды регионах.

Табл. 12 (С. 85) и вся подглава 5.1 в текущей редакции дают представление лишь о качественном распределении генетических линий в различных биотопах. Это недостаточная по современным представлениям база, для обсуждения предпочитаемых местообитаний. Было бы крайне полезно количественно проанализировать приуроченность линии к тому или иному биотопу. Т.о. фраза «хорошо выраженная биотопическая приуроченность» (С. 92) основывается на экспертной оценке и не доказана количественно. На С. 92 автор упоминает, что ранее для анализа биотопической приуроченности *P. n.* были рассчитаны «точные количественные индексы ... Песенко ... (Кузнецова 2002)». Почему хотя бы этот же подход не повторить? Это, возможно, позволило бы устранить логическое противоречие с подглавой 5.2, где показана возможность совместного обитания 2 или даже 3 линий в естественных или умеренно нарушенных местообитаниях.

Исходя из анализа рисунков 13, 14 и 15 становится ясно, что в градиенте нарушенности автором получено разное количество сиквенсов в разных типах местообитаний. В таком случае, корректно ли сравнивать соотношения генолиний между типами местообитаний? Останутся ли неизменными обнаруженные соотношения генетических линий при увеличении объёма материала?

Анализ RDA, когда факторы среды представлены категориальным предиктором (категория нарушенности, С. 89) технически возможен, но идеологически его лучше использовать с факторами количественными – влажность, pH, и др. Сколько измерений-факторов и измерений-признаков вошло в многомерный анализ? Если верить рис. 16, то 3 на 4 (кажется очевидным, что для такого анализа берут таксономические/генетические категории, которых задействовано всего 4), тогда как желательно иметь по меньшей мере в два раза

больше признаков, чем факторов. Если исходных признаков было более четырех, то что за признаки это были?

В подглаве 5.3 сказано «Интенсивность нарушения можно оценить по доле линии (экотипа) L1 в выборке: чем она выше, тем сильнее нарушение. По мере снижения нагрузки сокращается доля L1...», чему соответствует часть заключения: «Это может быть использовано в экологическом мониторинге» (С. 109). Не ставя под сомнение вывод о соотношении разных генетических линий в градиенте нарушенности среды, хочется поднять вопрос о целесообразности. Биоиндикация предлагает сложные и трудноизмеримые явления детектировать простыми и легко обнаруживаемыми маркерами. Целесообразно ли для оценки состояния окружающей среды и выявления степени нарушенности предлагать сложные процедуры, включающие в себя отбор проб, выгонку коллембол, поиск в материале индикаторного вида, выделение из него ДНК, ее амплификацию, очистку, секвенирование и биоинформатический анализ? Очень спорным представляется утверждение «анализ генетических линий по 28S не представляет сложностей и доступен неспециалистам» (С. 15 автореф.). Или подразумевается разработка чипов и других систем генетических экспресс-тестов? В явном виде об этом не сказано. Автором выявлена важная и интересная закономерность, бесспорно, но предложение ее в качестве средства биоиндикации представляется умножением сущностей без надобности, – сущностей трудоемких, дорогих и долгих там, где следует стремиться к простоте, дешевизне и скорости.

В **Главе 6** рассматриваются пространственно-временные изменения в популяциях. Относительно пространственного распределения установлено, что «на участках площадью до 1 м² практически всегда мы обнаруживали смесь линий. ... если агрегации ... и существуют, они занимают значительно меньшую площадь» (С. 97). Почему автор ограничился 1 м² и не сделал более подробный анализ, который напрашивается при таких промежуточных результатах?

Обсуждение главы начинается с фразы «В литературе нет данных по изменению внутривидовых генетических линий коллембол по сезонам», и приходится констатировать, что данная работа, увы, тоже не вносит ясности в этот вопрос (С. 96). На С. 95 мы узнаем, что пробы для этой задачи отбирали дважды в год, на С. 49 это продублировано. Рис. 19 проясняет картину: пробы отбирали две весны и одну осень. На С. 97 автор пишет: «сезонная вариабельность для линий *P. notabilis* не подтвердилась, по крайней мере, в течение полутора лет

наблюдений». Здесь следует писать точнее: не полтора года наблюдений, а три точки во времени с интервалом полгода. Данный план сбора материала не позволяет всерьез анализировать временные или сезонные изменения.

Глава 7 посвящена сравнению биологических и экофизиологических характеристик особей из природных и нарушенных местообитаний. Какие именно причины приводили к гибели коллембол в условиях лабораторного эксперимента на выживаемость? Действительно, короткие сроки развития потомства (С. 100) могут быть одним из признаков R-стратегии, но это недостаточное обоснование для такой характеристики. Сокращение сроков может быть связано с лучшим обеспечением яиц питательными веществами, сокращением самого их числа, заботой о потомстве и др., а это все признаки K-стратегии. На С. 105 сделан вывод о коротком жизненном цикле особей линии L1 по скорости развития яиц. Увы, это ещё не полный онтогенез, а лишь одна из его стадий, ускорение которой может быть нивелировано на последующих стадиях. Да, заключение сформулировано достаточно аккуратно: «линия L1 обладает чертами r-стратегии, имея более короткий жизненный цикл» (С. 109), однако хотелось бы видеть более комплексную оценку темпов развития вида и более определенное суждение о принадлежности вида к той или иной стратегии.

Подглава 7.2 основывается на сравнении «монокультуры L1 и особей из леса» (С. 100). Для особей одной сравниваемой группы была определена генетическая линия, для особей второй группы – нет. Отсюда странные в контексте генетической работы выражения вроде «лесные линии» (С. 19 автореф.). Почему не выявлена генетическая линия особей из второй группы? Могла ли во второй группе быть смесь из разных генетических линий? Как было показано в предыдущих главах, это случается часто. К какому комплексу генов, фенотипов и адаптаций будет относиться полученный вывод в данном случае?

В **заключении** и **шести выводах** отражены основные результаты диссертационного исследования, проведенного на оригинальном материале. Выводы корректно сформулированы, в достаточной степени подкреплены аргументацией в тексте и соответствуют поставленным задачам.

Помимо ценного вклада данной работы в экологию и экофизиологию, в качестве сильной её стороны хотелось бы отметить выделение в конце практически каждой главы и подглавы «обсуждение». Такое стремление к разделению непосредственно результатов и их обсуждения нехарактерно для

диссертационных работ. Приближение к IMRAD-структуре современной академической статьи выгодно отличает данную диссертацию среди других. Так же горячо приветствовать можно составление словаря терминов и сокращений (С. 112).

Однако несмотря на общее положительное впечатление, к диссертационной работе имеется несколько вопросов и замечаний. Одна часть из них относилась к конкретным методам или результатам и была обозначена при обсуждении глав выше. Другая же часть более общего плана, приводим их здесь.

1) Структура рукописи не оптимальна. Так, подглава 2.4.3 (С. 48) состоит всего из одного предложения. Целый абзац перечисления полученных результатов о численности вида представлен не в соответствующей главе, а в «методике» (С. 52 и 54 частично, С. 53 полностью). Методика («лабораторные опыты») вынесена в название главы 7. Блок про адаптации к холоду (С. 105–106) и жизни в пещерах (С. 107) оказался в подглаве 7.3 «Влияние тяжелых металлов».

2) На С. 50 Анастасия Владимировна дает собственное определение понятию метаанализ: «это синтез первичных данных, предварительно строго упорядоченный, в целях получения суммарных статистических показателей». Ценность этого пространного определения сомнительная, т.к. в любом естественно-научном исследовании всегда анализируются первичные данные (разумеется, всегда упорядоченные), на основании которых всегда рассчитываются статистические показатели. В тексте же слово «метаанализ» и вовсе применяется к тому, что правильнее было бы назвать «анализ открытых данных» или «анализ первичных данных из открытых баз и других источников». Понятно, что остаться в стороне от современной тенденции к «метафикации» («мета-наука», «мета-ирония») сложно, однако хотелось бы призвать автора быть строже с терминами. По крайней мере с давно устоявшимися, в частности с «метаанализом», в котором происходит синтез нескольких уже полученных ранее конкретных статистических результатов, но никак не первичных данных.

3) При этом объем самих данных представлен в завышенном виде: на С. 51 сказано: «в базу вошли данные по 44999 образцам из 2990 участков (Potapov et al. 2024)». Однако это общий объем базы со всего земного шара и по всем видам коллембол. Очевидно, что в диссертации использован далеко не весь этот объем данных. На С. 63 утверждается, что полученный материал *P. n.* размещен публично (<https://doi.org/10.15468/5rm9kz>), однако там лишь 85 находок 266

особей. Хотелось бы четко понимать, сколько проб и особей автор получил, обработал и определил самостоятельно, сколько из них было отсеквернено, и в каком количестве в работу были вовлечены данные из открытых источников?

4) Утверждается, что разработана оригинальная программа-парсер для сбора и систематизации информации на языке C#. Такая программа предназначена для windows и на других платформах – Mac, linux – запускаться не будет. Само решение сырое, нет описания (файла readme), комментариев в коде почти нет. Репозиторий не содержит скомпилированных релизов, а самостоятельная компиляция на неподготовленном для этого устройстве невозможна. Помимо невозможности запустить, вызывает недоумение сам факт написания такой программы и такими средствами. В научной среде популярнее скриптовые языки. Для поиска и получения нуклеотидных последовательностей с генбанка существует множество готовых кроссплатформенных решений, как самостоятельных программ, так и популярных библиотек python и R. Это не единственный пример такого сомнительного решения. На С. 64 сказано, что анализ RDA выполнен в пакете “raskfor”. Непопулярный, если не сказать больше, пакет. Его нет на главном репозитории CRAN, зато там есть пакеты с десятками тысяч загрузок (vegan, ade4 и др.), являющиеся «стандартом в отрасли».

5) Необходимо отметить чрезвычайно низкую по современным меркам культуру цитирования электронных ресурсов и ПО. Это касается как размещения собственных данных, так и использования чужих. Например, сказано, что данные «из базы данных GenBank» и приводится URL ссылка на его главную страницу (С. 63), из которой неясно, что именно искали и взяли на ресурсе. Для пакета “raskfor” (С. 64) ссылка приводится только на главную страницу самого ядра R. Использованный язык программирования R процитирован как «программа RStudio» (С. 64), является лишь средой разработки для этого языка и никакого значения для расчетов не имеет, а далее снова приводится версия ядра 4.2.1, актуальная на начало 2022 г. Значит ли это, что расчеты были выполнены 3 года назад, и с той поры диссертант не возвращался к расчетам и не актуализировал свои результаты? Данные и сам код непубличные, и не доступны для проверки, что обнуляет все преимущества использования скриптов.

6) В цели и задаче 1 присутствует выражение «оценить разнообразие ... генетических линий». Что в данном случае автор понимает под генетическим разнообразием? Какое генетическое разнообразие автор ожидает увидеть внутри

генетических линий, которые являются клонами, идентичными генетически? Часть задачи 2 – «выяснить филогеографические паттерны». Текущее распространение анализируется и обсуждается, предшествующая этому динамика – нет. Т.е. филогеографии, в строгом понимании, в данной работе нет. В задаче 3 присутствует выражение «динамика генетических линий в модельных популяциях», влекущее за собой вопрос, как автор применяет термин популяция по отношению к модельному виду, для которого половое размножение не характерно? Как, по мнению автора, соотносятся генетические линии и популяции, что во что и каким образом вложено? Задача 4 предполагает сравнение «особей из различных по нарушенности местообитаний», но не генетических линий! Как стало возможным такое огрубление в работе, сама суть которой в дифференциации генетических линий?

7) В тексте встречаются неудачные формулировки: «пенициллинки» (научный сленг, С. 55), достоверность различий (С. 64). Лингвистическая химера «‘hotspot’ разнообразия» (С. 44) совершенно лишняя, тем более что далее в тексте используются корректные термины «горячая точка разнообразия» (С. 108) и «очаг разнообразия» (С. 111).

Общее заключение. Несмотря на ряд методологических, технических и повествовательных огрехов, о которых было сказано выше, работа имеет ряд неоспоримых сильных сторон, о которых тоже было сказано выше, и производит общее положительное впечатление. Диссертация Стрючковой Анастасии Владимировны – это законченная научно-квалификационная работа, все задачи которой были четко сформулированы, а цель – достигнута. Автору удалось удачно совместить лабораторные и полевые эксперименты в одной работе. Основные результаты исследования апробированы на десятке конференций (большинство их них всероссийские и даже международные) и представлены в 4 журнальных публикациях в изданиях из перечня ВАК и систем цитирования WoS и Scopus. Выводы соответствуют поставленным задачам, а автореферат корректно отражает содержание диссертации. Защищаемая работа полностью соответствует всем критериям пунктов 9–11, 13, 14 «Положения о порядке присуждения ученых степеней», утвержденного постановлением Правительства РФ от 24 сентября 2013 г. № 842, предъявляемым к диссертациям на соискание ученой степени кандидата

наук, а ее автор – Стрючкова Анастасия Владимировна – заслуживает присуждения ученой степени кандидата биологических наук по специальности 1.5.15 – Экология (биологические науки).

Диссертация и отзыв рассмотрены на заседании лаборатории филогенетики и биохронологии ФГБУН «Институт экологии растений и животных УрО РАН» (протокол № 5 от «01» сентября 2025 г.).

Проголосовали «за»: 9 (единогласно).

Проголосовали «против»: 0.

Воздержались: 0.

Всего на заседании присутствовало: 9

Бородин Александр Васильевич, д.б.н.,
заведующий лабораторией филогенетики и

биохронологии ФГБУН ИЭРиЖ УрО РАН

Ялковская Лидия Эдуардовна, к.б.н.,

с.н.с. и заместитель заведующего лабораторией
филогенетики и биохронологии

ФГБУН ИЭРиЖ УрО РАН

Созонтов Артём Николаевич, к.б.н., с.н.с.

лаборатории экотоксикологии популяций и
сообществ

ФГБУН ИЭРиЖ УрО РАН

Бородин А.В.

Ялковская Л.Л.

Созонтов А.Н.

Федерального государственное бюджетное
учреждение науки Институт экологии растений и
животных Уральского отделения Российской
академии наук

тел.: +7 (343) 210-38-53

e-mail: info@ipae.uran.ru, common@ipae.uran.ru

620144, РФ, Екатеринбург, ул. 8 Марта, 202

Нач. общего отдела

01.09.2025