ОТЗЫВ

Официального оппонента на диссертационную работу БЕЛОДЕД Алины Юрьевны «Морфология, систематика и филогенетические связи трематод семейства Haploporidae Nicoll, 1914 Восточноазиатского региона», представленной на соискание учёной степени кандидата биологических наук по специальности 1.5.12 – Зоология

Актуальность темы. Работа посвящена трематодам семейства Haploporidae - паразитам морские, эстуарных и пресноводных рыб, среди которых есть промысловые виды. Гаплопориды широко распространен на юге Дальнем Востоке России и тропических водах Юго-Восточной Азии, поэтому тема диссертация чрезвычайно актуальна.

Достоверность и научная новизна полученных результатов, выводов, научных положений. Результаты, выводы и положения достоверны, основаны на исследовании большого материала как на морфологическом, так и на генетическом уровнях. Главное достижение работы - система семейства гаплопориды переосмыслена на основе молекулярно-филогенетического анализа. Род *Unisaccus* перемещен в подсемейство Waretrematinae, восстановлен род *Parasaccocoelium*. Описано 7 новых для науки видов гаплопорид. Выводы в основном достоверны и отражают содержание работы.

Степень обоснованности научных положений, выводов и рекомендаций.

Научные положения и выводы можно считать по большей части обоснованными и отражающими все разделы работы. Автор не делает прямых рекомендаций.

Научное и практическое значение полученных результатов.

Полученные автором результаты имеют как фундаментальное, так и практическое значение. Описаны новые для науки вида трематод, которые являются паразитами промысловых рыб Дальнем Востоке России и Вьетнама. Показаны филогенетические связи внутри семейства Haploporidae. Проанализировано значение метрических признаков, используемых при разграничении видов этого семейства.

Полнота изложения материалов диссертации в опубликованных трудах и автореферате.

Практически все результаты диссертационной работы опубликованы автором в ведущих научных изданиях и доложены на конференциях. Автореферат соответствует диссертации как по структуре, так и по содержанию.

Структура и объём диссертации. Диссертация состоит из введения, 3 глав, заключения, списка цитированной литературы. Полный объём диссертации – 130 страниц, включая 25 рисунков. Список литературы насчитывает 95 наименований, из них 86 на иностранном языке.

Замечания и комментарии к содержанию диссертации.

1) Первое, что хотел бы отметить – небрежное оформление диссертации. Вероятно, автор впопыхах перевел содержание своих статей с английского и не отредактировал должным образом орфографию и цитирование. Приведу три примеры, аналогов которых в работе очень много: «Overstreet и Curran (2005) предположили…»; «Атопкин с соавт. (2019), на основании молекулярных данных впервые продемонстрировали…» (статья на английском языке); Ю с соавт. (2005) (также). В списке литературы статья Белоус (1954) приведена дважды – на русском и английском, русскоязычная статья Жукова (1971) приведена на английском. “Залива Тонкин” нет – есть Тонкинский залив, автор использовал дословный перевод Tonkin Bay. Есть и вовсе

курьезные ошибки, которые говорят об уровне образования: «Современную формулировку этой теоремы вывел Пьер-Симон Лаплас в 1986 г.» (оставлю без комментариев – автор может сам прочитать цитируемую статью и ее предисловие).

2) Весь филогенетический анализ, за исключением одного дерева, основан на Байесовском выводе (автор называет его «алгоритмом Байеса», что очень не понравилось бы математикам). Хорошо известно, что байесовские методы могут переоценивать поддержку узлов/клад (т.е. апостериорные вероятности часто выше, чем соответствующие частоты бутстрапа для той же ветви). Поэтому современный филогенетический анализ предполагает построение деревьев также методом максимального правдоподобия, чтобы оценить поддержку клад двумя способами. Я посмотрел публикации автора – везде ML анализ для надвидовой филогении не проводился. В таком контексте невозможно утверждать, что клады с PP 0,79 и 0,94 действительно хорошо поддерживаются. А речь идет о двух ключевых группах в семействе – подсемействе Waretrematinae и кладе с остальными подсемействами (рис. 24 и 25). Автор пишет по этому поводу: «Низкая поддержка базального узла говорит о том, что взаимоотношения трематод, включенных в разные клады внутри Waretrematinae окончательно не ясны». На самом деле монофилия Waretrematinae вообще сомнительна. Заявление «Результаты филогенетического анализа показали, что гаплопориды являются монофилетическим семейством» не подкрепляется данными филогенетического анализа, поскольку эта клада имеет низкую поддержку (PP=0.84).

3) Насколько я мог понять из диссертации, автор считает PP от 0,9 и выше – надежными. Это крайне сомнительно, и я не увидел в тексте обоснований этому. Я могу согласиться с тем, что PP выше 0,95 можно считать высокими, хотя в литературе укрепилось мнение, что значения PP 0,95-0,96 – пограничные, и для их оценки нужно смотреть бутстреп клады. А ML в работе нет!

4) Ключевым является дерево на рис. 24, в котором приведены все подсемейства гаплопорид. В нем, например, для Waretrematinae поддержка вообще не указана, род *Capitimitta* занимает базальное положение. Однако на рис. 9 филогенетическое дерево, построенное тем же методом и на основе того же генного маркера (28S), но только для Waretrematinae, поддержка подсемейства (PP) равна 1, базальное положение занимает *Spiritestis herveyens*, *Capitimitta* находится «внутри» клады. То есть топология этого дерева сильно не совпадает с топологией дерева на рис. 24. Это противоречит утверждению автора о том, что «наши результаты показали четкую внутреннюю структуру подсемейства Waretrematinae, отражающую молекулярную дифференциацию и определенные взаимоотношения представителей его отдельных родов». Дерево на рис. 16 уже совпадает с фрагментом дерева на рис. 24, содержащим Waretrematinae, но без рода *Capitimitta.*

5) В Методах указано, что ML анализ проводился в MEGA 6.0. Хочу обратить внимание и диссертанта, и руководителя на то, что этот пункт в методах является распространенным источником путаницы. Терминология, используемая в программе MEGA, несколько нестандартна и очень запутанна. Хотя существует филогенетический метод, называемый «максимальной комбинированной вероятностью», на самом деле это не истинный алгоритм построения дерева максимального правдоподобия. «Максимальная комбинированная вероятность» относится к методу, используемому для вычисления матрицы расстояний, которая затем преобразуется в дерево с помощью стандартных алгоритмов, основанных на расстояниях. Многие пользователи MEGA не знают об этой проблеме, скрытой в «мелком шрифте» (см. страницы 198 и 439 руководства MEGA).

Автору следует использовать другую программу (например, RAxML, PHYML или IQtree) для построения истинного дерева максимального правдоподобия.

6) «Таким образом, на основании полученных данных можно заключить, что фауна трематод *Parasaccocoelium*, известная в настоящее время для кефалевых рыб юга Дальнего Востока России, имеет тропическое южно-тихоокеанское происхождение, связанное с глубокой дифференциацией предковой формы представителей этого рода и трематод *Elonginurus mugilis*». Этот вывод диссертации явно содержит ошибку, поскольку южно-тихоокеанское происхождение подразумевает происхождение в тропической зоне Южного полушария (Австралия). Но ни род *Parasaccocoelium,* ни близкий к нему *Elonginurus mugilis* в Южном полушарии не выявлены (см. рис. 25 в диссертации). По-видимому, автор имел в виду тропические воды Юго-Восточной Азии. Вообще для выводов такого рода необходим филогеографический анализ, но в работе его нет. «… моллюски тропического рода *Stenothyra*» - род является тропическо-субтропическим, северная часть ареала доходит до Южного Сахалина (и здесь уместно было бы процитировать работы малакологов ФНЦ «Биоразнообразие…»).

7) «Представители остальных подсемейств – паразиты кефалевых рыб, объединены в общую, высоко поддержанную группу». Это не совсем так. Виды рода *Capitimitta*, которые занимают базальное положение в подсемействе Waretrematinae (и, судя по низкой поддержке, вообще могут не относиться к этому подсемейству), являются паразитами аргусовых рыб. Для выводов, как именно происходила смена окончательных хозяев в эволюции, необходим филоэкологический анализ – не исключено, что переход на кефалиевых рыб произошел независимо у Waretrematinae и остальных подсемейств.

8) Небольшая погрешность: «Диагноз рода (с учетом новых молекулярных данных)». В диагнозе *Unisaccus* нет молекулярных данных (например, молекулярных синапоморфий).

ЗАКЛЮЧЕНИЕ

Указанные замечания не умаляют значимость полученных диссертантом результатов. Содержание работы отвечает всем требованиям, предъявляемым к кандидатским диссертациям, а ее автор, Алина Юрьевна Белодед, заслуживает присуждения ученой степени кандидата биологических наук по специальности 1.5.12 – «зоология».

Чернышев Алексей Викторович
Доктор биологических наук (03.00.08 «зоология»), доцент
главный научный сотрудник лаб. эмбриологии Национального научного центра морской биологии им. А.В. Жирмунского Дальневосточного отделения Российской академии наук

Чернышев А.В.

690041, г. Владивосток, ул. Пальчевского, 17
тел.: 8(4232)31-09-05; e-mail: nemertea1969@gmail.com
30.09.2026

подпись
заверяю: начал
Буренина В.Л.

Сведения об официальном оппоненте
по диссертационной работе Белодед А.Ю. на тему «Морфология, систематика и филогенетические связи трематод семейства Haploporidae Nicoll, 1914 Восточноазиатского региона», представленной на соискание ученой степени кандидата биологических наук по специальности 1.5.12 Зоология

1. Ф.И.О. оппонента: Чернышев Алексей Викторович

2. Ученая степень и отрасль науки с указанием шифра и наименования специальности, по которой защищена диссертация):
доктор биологических наук по специальности 03.00.08 Зоология.

3. Ученое звание: доцент

4. Основное место работы: полное наименование организации с указанием почтового индекса, адреса, телефона и электронной почты:
Федеральное государственное бюджетное учреждение науки «Национальный научный центр морской биологии им. А. В. Жирмунского» ДВО РАН
690041, г. Владивосток, ул. Пальчевского, д. 17.
e-mail: nemertea1969@gmail.com
тел.: 8 908 464 44 92

5. Занимаемая должность оппонента и структурное подразделение (лаборатория, кафедра и т.п.): Лаборатория эмбриологии, главный научный сотрудник.

6. Список основных публикаций по теме диссертации в рецензируемых журналах за последние 5 лет (не более 15 публикаций)

1. Chernyshev A.V., Polyakova N.E., Sun S.-C. Phylogenetic relationships and taxonomic position of the genus Parahubrechtia (Nemertea, Palaeonemertea) with descriptions of two new species. // Zoological Studies. 2022. 61. No. e38.
2. Kajihara H., Abukawa S., Chernyshev A.V. Exploring the basal topology of the heteronemertean tree of life: establishment of a new family, along with turbotaxonomy of Valenciniidae (Nemertea: Pilidiophora: Heteronemertea) // Zoological Journal of the Linnean Society. 2022. Vol. 196. P. 503-548.
3. Hookabe N., Kajihara H., Chernyshev A.V., Jimi N., Hasegawa N., Kohtsuka H., Masanori O., Tani K., Fujiwara Y., Tsuchida S., Ueshima R. Molecular Phylogeny of the Genus Nipponnemertes (Nemertea: Monostilifera: Cratenemertidae) and Descriptions of 10 New Species, With Notes on Small Body Size in a Newly Discovered Clade // Frontiers in Marine Science. 2022. Vol. 9. 906383.
4. Abato J.C, Chernyshev A.V., Hookabe N. Tsuyuki A., Kaushik G., Kajihara H. Delimiting the polymorphic congeners of the genus Oerstedia Quatrefages, 1864 (Nemertea, Hoplonemertea), and descriptions of three new species from the Northwest Pacific // Frontiers in Ecology and Evolution Front. Ecol. Evol. 2024. vol. 12, № no. February. P. 1-17.
5. Chernyshev A.V., Kuznetsov V.G. A description of two new deep-sea nemerteans from North Pacific with reconsideration of the genus Oerstedia (Hoplonemertea, Oerstediidae) // Deep-Sea Research II. 2024. Vol. 216. 105390.
6. Chernyshev A.V., Kuznetsov V.G. Descriptions of two new deep-sea nemertean species from the genera Alvinonemertes and Sagornya gen. nov. (Hoplonemertea, Oerstediina) with

discussion on close genetic relationship between deep-sea species // Deep-Sea Research I. 2024. 104439.
7. Liu W., Chernyshev A.V., Li J., Ye Y., Dong X. Phylogenetic analysis, gene rearrangement and divergence time estimation of Patellogastropoda (Mollusca, Gastropoda) based on complete mitochondrial genomes // BMC Genomics, 2025. 26:612
8. Martynova A.A., Wu J., Sun S.-C., Chernyshev A.V. Nemerteans Emplectonema ex gr. gracile (Johnston, 1837) (Hoplonemertea, Monostilifera) from the Sea of Okhotsk, Sea of Japan, and Yellow Sea // Mitochondrial DNA Part A. 2025. 2602435.
9. Alfaya J.E.F., Chernyshev A.V., Lozada M., Bigatti G. Nemertean diversity at the end of the world: histology-free description of three new species and evidence of genetic isolation between Antarctica and South America // Polar Biology. 2025.Vol. 48:77
10. Ilin I.D., Sharina S.N., Chernyshev A.V. Limpets of the family Lepetidae (Patellogastropoda) from the continental shelf of the Northwestern Pacific – generic and specific composition // Zoologischer Anzeiger. 2026. Bd. 320. P. 13-26.

Верно Ведущий специалист Отдела кадров [redacted] Набиванло Ю.В

Должность и место работы лица, заверяющего сведения

Фамилия И.О.

М.П. [redacted]