Облікова картка дисертації

I. Загальні відомості

Державний обліковий номер: 0822U100144

Особливі позначки: відкрита

Дата реєстрації: 10-01-2022

Статус: Захищена

Реквізити наказу МОН / наказу закладу:

II. Відомості про здобувача

Власне Прізвище Ім'я По-батькові:

1. Моргун Галина Миколаївна
2. Morhun Halyna M.

Кваліфікація:

Ідентифікатор ORCID ID: Не застосовується

Вид дисертації: доктор філософії

Аспірантура/Докторантура: так

Шифр наукової спеціальності: 091

Назва наукової спеціальності: Біологія. Біологія

Галузь / галузі знань:

Освітньо-наукова програма зі спеціальності: Не застосовується

Дата захисту: 30-12-2021

Спеціальність за освітою: Біологія

Місце роботи здобувача: Державна установа Інститут морської біології Національної академії наук України

Код за ЄДРПОУ: 03534529

Місцезнаходження: вул. Пушкинська, буд. 37, м. Одеса, Одеська обл., 65011, Україна

Форма власності:

Сфера управління: Національна академія наук України

Ідентифікатор ROR: Не застосовується

III. Відомості про організацію, де відбувся захист

Шифр спеціалізованої вченої ради (разової спеціалізованої вченої ради): ДФ 64.051.038

Повне найменування юридичної особи: Харківський національний університет імені В. Н. Каразіна

Код за ЄДРПОУ: 02071205

Місцезнаходження: майдан Свободи, буд. 4, м. Харків, Харківський р-н., Харківська обл., 61022, Україна

Форма власності:

Сфера управління: Міністерство освіти і науки України

Ідентифікатор ROR: Не застосовується

IV. Відомості про підприємство, установу, організацію, в якій було виконано дисертацію

Повне найменування юридичної особи: Харківський національний університет імені В. Н. Каразіна

Код за ЄДРПОУ: 02071205

Місцезнаходження: майдан Свободи, буд. 4, м. Харків, Харківський р-н., Харківська обл., 61022, Україна

Форма власності:

Сфера управління: Міністерство освіти і науки України

Ідентифікатор ROR: Не застосовується

V. Відомості про дисертацію

Мова дисертації:

Коди тематичних рубрик: 34.33.15, 34.03.17

Тема дисертації:

1. Особливості мікроеволюції та адаптації чужорідних безхребетних тварин унаслідок інвазії в водойми Азово-Чорноморського басейну

2. Features of microevolution and adaptation in alien invertebrate species due to invasion into the Azov-Black Sea basin

Реферат/анотація:

1. Дисертаційна робота присвячена дослідженню інвазій безхребетних тварин в водойми Азово-Чорноморського басейну і виявленню особливостей перебігу мікроеволюції в цих популяціях та їх фенотипічного різноманіття. В роботі вивчено морфологічну мінливість чужорідних тварин, ідентифіковано таксони за молекулярним маркером cox1 та досліджено філогенетичну структуру кількох модельних видів. Проведений аналіз BLAST підтвердив наявність 47 нативних і 19 чужорідних таксонів. У вибраних видів (п'явка Helobdella europaea, ракоподібні Procambarus virginalis та Macrobrachium nipponense, молюски Mytilopsis leucocephalum, Arcuatuala senhousia, Rapana venosa та Corbicula sp.) вивчено генетичну структуру популяції філогенетичним аналізом. Для двох видів (R. venosa та Corbicula sp.) додатково застосовано багатовимірний статистичний аналіз морфометричних даних. Для 13 чужорідних видів вперше отримано послідовності ДНК з популяцій цих тварин в Азово-Чорноморському басейні. Види H. europaea та A. senhousia вперше

зареєстровано в регіоні. Види P. virginalis і M. nipponense зареєстровано в нових локалітетах, що свідчить про експансію регіоном. Виявлено, що п'явки H. europaea мають загальну генетичну одноманітність послідовностей в усіх регіонах інвазії. Це інтерпретують як підтвердження гіпотези про інтродукцію виду з Америки (ефект засновника). Продемонстрировано, що особини H. europaea мали мінливу форму поздовжніх смуг, що може бути адаптацією до кольору субстратів, коли різне забарвлення впливає на помітність п'явки. Філогенетичний аналіз молюсків R. venosa показав, що популяція Одеської затоки характеризується одним гаплотипом, відомим з попередніх публікацій з усіх регіонів інвазії і в нативному регіоні. Високу мінливість одеської популяції проаналізували за допомогою традиційної та геометричної морфометрій. Виявилено відмінності у видовженності черепашок, що пов'язують з адаптацією до піщаного субстрату і необхідністю полювати на тих молюсків, що закопуються в пісок. Немає відмінностей у формі черепашок між самцями та самками, однак самці мали більші розміри. Продемонстровано, що чорноморська популяція менша від нативних за розмірами і має інакшу скульптуру та масивність черепашок. Виявлено один гаплотип у послідовностей партеногенетичного рака P. virginalis з Дніпропетровської та Харківської областей та з інших регіонів інвазії. Це узгоджується з гіпотезою ефекту засновника. Вид утворився від батьківського різностатевого P. fallax зі США шляхом автотриплоїдії після інвазії в Європу. Порівняно з батьківським видом, він збільшився за розмірами, став більш плодючим, вдвічі збільшив середню тривалість життя, що пояснюють інтенсивним метилювання ДНК. Було знайдено нові локалітети та біотопи креветки M. nipponense та встановлено, що джерелом походження дністровської популяції є Китайська річка Янцзи. Виявлено інвазивну історію виду, під час якої вид поетапно був зареєстрований на території Узбекистану і Казахстану, потім Росії, Білорусі, Молдови, а потім з'явився в Дністровському басейні. Встановлено, що в різних регіонах інвазії трапляються різні гаплотипи. Зареєстровано новий чужорідний двостулковий молюск у регіоні досліджень, A. senhousia. Молекулярний аналіз виявив два різні нові гаплотипи, невідомі з попередніх досліджень. Велика генетична відстань між ними є результатом явища подвійної однобатьківської передачі мт ДНК, що притаманне цьому виду. Філогенетичний аналіз з залученими послідовностями з попередніх досліджень (Asif & Krug 2012) виявив, що наш зразок належить до холодноводної клади, яку пов'язують з температурною преадаптацією молюска. Під час сезонного моніторингу виявлено, що A. senhousia мінливі за забарвленням. Знайдено цитоядерні невідповідності, які призводять до помилкової ідентифікації морфотипів Corbicula ДНК-баркодингом. Український корбікули (морфотип R) однакового гаплотипу з корбікулами морфотипів Rlc та S. У Дунаї виявлено два різні морфотипи, один з яких – невідомий Corbicula sp., який, імовірно, є гібридом між C. fluminalis і C. leana, оскільки має проміжні ознаки: скульптуру C. leana і форму замка C. fluminalis. Ґрунтуючись на отриманих даних про молекулярне різноманіття та мінливість, модельні види класифіковано у контексті концепції Генетичного парадоксу біологічних інвазій (Estoup et al., 2016). "Справжній" парадокс інвазій характерний для P. virginalis та Corbicula sp., які хоча і мають надзвичайно низьке генетичне різноманіття, проте демонструють значну фенотипічну мінливість. Для H. europaea і R. venosa може бути як "справжній", так і "сумнівний" парадокс, оскільки їхні гаплотипи cox1 могли бути відібрані завдяки селективному тиску або преадаптації. В інвазії M. nipponense немає генетичного парадоксу, оскільки філогенетичний аналіз свідчить про вселення декількох гаплотипів у різні регіони інвазії. Для A. senhousia ми передбачаємо відсутність парадоксу, оскільки існує значне генетичне різноманіття в регіонах інвазії та гаплотипи, наразі характерні лише для України.

2. This dissertation studies the invasions of invertebrate animals in water bodies of the Azov-Black Sea basin and specifies the features of microevolution in these populations as well as their phenotypic diversity. We studied the morphological variability of non-native populations, identified taxa by molecular marker cox1 (confirmed 47 native and 19 foreign taxa), and investigated the phylogenetic structure of several model species (leech Helobdella europaea, crustaceans Procambarus virginalis and Macrobrachium nipponense, mollusks Arcuatuala senhousia, Rapana venosa and Corbicula sp.). For two species (R. venosa and Corbicula sp.), we additionally applied multivariate statistical analysis of morphometric data. For 13 non-native species, DNA sequences were obtained firstly for populations from the Azov-Black Sea basin. Helobdella europaea and A. senhousia were recorded in the region for the first time. Procambarus virginalis and M. nipponense were recorded in new localities, indicating

their range expansion. The phylogenetic analysis revealed an extremely low genetic diversity of H. europaea in the invasive regions throughout the world which is interpreted as a corroboration of the hypothesis of the introduction of this species from America (founder effect). The variability of the coloration pattern of longitudinal stripes was documented, which probably may be an adaptation to the color of substrates. Phylogenetic analysis of R. venosa demonstrated that the Odesa Bay's population shared one haplotype, known from previous publications as the only one that occurs both in all invasion regions and native region. The conchological variability of rapa was analyzed using morphometric approach and differences in shell elongation were found. This tendencies in shape changes were attributed to the mollusk's adaptation to the substrate, in particular the need to hunt burrowing mollusks in the sand. No significant differences were found in the shape of shells between males and females, but males were larger. Also, it was demonstrated that the Black Sea population is smaller in size than the native ones and has a different sculpture and massiveness of the shells. The phylogenetic analysis of the parthenogenetic crayfish P. virginalis revealed the same haplotype in Dnipropetrovsk and Kharkiv regions, identical to all rest of crayfish from invasion regions, suggesting the founder effect. This species originated from the parental gonochronic P. fallax from the USA by autotriploidy during invasion. Compared to the parental species, P. virginalis, increased in size, became more fertile, and doubled its average lifespan. This is attributed to intensive DNA methylation. New localities and biotopes for the shrimp M. nipponense were found. The Chinese origin of the Dniester population was confirmed, and invasive history was revealed. The phylogenetic analysis found that there are different haplotypes in invasion regions. A new non-native bivalve in the region, A. senhousia, was recorded. The molecular analysis revealed two haplotypes with large large genetic distance between them. This is the result of the double uniparental mtDNA inheritance, which is specific to this species. The phylogenetic analysis involving sequences from previous studies showed that our sequence belongs to the cold-water clade. The formation of two clades (warm- and cold-water), revealed by Asif & Krug (2012), is thought to be preadaptation of these molluscs to the temperature. The phenotypic variability of coloration of A. senhousia clams was shown. Cytonuclear mismatches in Corbicula were found that resulted in the wrong morphotypes identification. The Ukrainian sample of Corbicula (morphotype R) from the Danube River shared the same haplotype with morphotypes Rlc and S. Was found that the Danubian Corbicula clams consisted of two different morphotypes. One of them is an unknown Corbicula sp., which is most probably of a hybrid origin between C. fluminalis and C. leana, since it has intermediate characters: sculpture of C. leana and hinge of C. fluminalis. Based on the molecular diversity and variability, the model species were classified in the context of the concept of Genetic Paradox of Biological Invasions (Estoup et al., 2016). The "genuine" paradox is characteristic to P. virginalis and Corbicula sp. which, although having extremely low genetic diversity, nevertheless demonstrate significant phenotypic variability. For H. europaea and R. venosa, it may be both a "genuine" and "spurious" paradox, since their cox1 haplotypes could have been selected due to selective pressure or preadaptation. There is no genetic paradox in M. nipponense invasions, as phylogenetic analysis indicates that several haplotypes occuring in different invasion regions. For A. senhousia, we also assume the absence of a paradox since there is a significant genetic diversity in the invasion regions and haplotypes which are now known only from the Ukrainian population.

Державний реєстраційний номер ДіР:

Пріоритетний напрям розвитку науки і техніки:

Стратегічний пріоритетний напрям інноваційної діяльності:

Підсумки дослідження:

Публікації:

Наукова (науково-технічна) продукція:

Соціально-економічна спрямованість:

Охоронні документи на ОПІВ:

Впровадження результатів дисертації:

Зв'язок з науковими темами:

VI. Відомості про наукового керівника/керівників (консультанта)

Власне Прізвище Ім'я По-батькові:

1. Утєвський Сергій Юрійович

2. Utevsky Serge Yu.

Кваліфікація: д. б. н., 03.00.08

Ідентифікатор ORCID ID: Не застосовується

Додаткова інформація:

Повне найменування юридичної особи:

Код за ЄДРПОУ:

Місцезнаходження:

Форма власності:

Сфера управління:

Ідентифікатор ROR: Не застосовується

VII. Відомості про офіційних опонентів та рецензентів

Офіційні опоненти

Власне Прізвище Ім'я По-батькові:

1. Крамаренко Сергій Сергійович

2. Kramarenko Sergey Serhiiovych

Кваліфікація: д. б. н., 03.00.08

Ідентифікатор ORCID ID: Не застосовується

Додаткова інформація:

Повне найменування юридичної особи:

Код за ЄДРПОУ:

Місцезнаходження:

Форма власності:

Сфера управління:

Ідентифікатор ROR: Не застосовується

Власне Прізвище Ім'я По-батькові:

1. Балашов Ігор Олександрович

2. Balashov Igor Oleksandrovych

Кваліфікація: к. б. н., 03.00.08

Ідентифікатор ORCID ID: Не застосовується

Додаткова інформація:

Повне найменування юридичної особи:

Код за ЄДРПОУ:

Місцезнаходження:

Форма власності:

Сфера управління:

Ідентифікатор ROR: Не застосовується

Рецензенти

Власне Прізвище Ім'я По-батькові:

1. Страшнюк Володимир Юрійович

2. Strashnyuk Volodymyr Yuriiovych

Кваліфікація: д. б. н., 03.00.15

Ідентифікатор ORCID ID: Не застосовується

Додаткова інформація:

Повне найменування юридичної особи:

Код за ЄДРПОУ:

Місцезнаходження:

Форма власності:

Сфера управління:

Ідентифікатор ROR: Не застосовується

Власне Прізвище Ім'я По-батькові:

1. Зіненко Олександр Іванович

2. Zinenko Oleksandr Ivanovych

Кваліфікація: к. б. н., 03.00.08

Ідентифікатор ORCID ID: Не застосовується

Додаткова інформація:

Повне найменування юридичної особи:

Код за ЄДРПОУ:

Місцезнаходження:

Форма власності:

Сфера управління:

Ідентифікатор ROR: Не застосовується

VIII. Заключні відомості

Власне Прізвище Ім'я По-батькові голови ради Атраментова Любов Олексіївна

Власне Прізвище Ім'я По-батькові головуючого на засіданні Атраментова Любов Олексіївна

Відповідальний за підготовку облікових документів

Реєстратор

Керівник відділу УкрІНТЕІ, що є відповідальним за реєстрацію наукової діяльності

Юрченко Т.А.