

## ОТЗЫВ НА АВТОРЕФЕРАТ

**диссертационной работы Жабалина Максата Кизатовича «Анализ связи полиморфизма Y-хромосомы и родоплеменной структуры в казахской популяции», представленной на соискание ученой степени кандидата биологических наук по специальности 03.02.07 – генетика.**

Изучение связи этнокультурных процессов и динамики генофонда является актуальным направлением популяционной генетики человека, в том числе современных геномных исследований. Сведения о структуре генофонда и геногеографии позволяют оценить динамику генофонда и имеют принципиальное значение для судебно-медицинской экспертизы, медико-генетических исследований и решения междисциплинарных задач. Поэтому актуальность избранной диссертантом темы не вызывает сомнений. Научная новизна настоящего исследования заключается в том, что родоплеменная структура казахской популяции впервые рассмотрена в популяционно-генетическом контексте как объект исследования. Патрилокальность родоплеменных групп (кланов) обеспечивает эффективность таких исследований, позволяя верифицировать различные историко-этнографические сведения о генезисе кланов.

Целью работы является изучить изменчивость Y-хромосомы в популяциях казахов и связь структуры генофонда с родоплеменной структурой населения.

В работе впервые широко (~ 2000 образцов, 19 географических популяций) и системно (на уровне популяции в целом, социально-территориальных групп и 14 родоплеменных групп) охарактеризован генофонд казахов по широкой палитре маркеров Y-хромосомы (44 SNP и 17 STR).

Для достижения задач работы автор применил широкий спектр методов анализа: формирование базы данных по родоплеменной структуре; статистический анализ (расчет генетического разнообразия, генетических расстояний, анализ главных компонент и многомерного шкалирования, AMOVA, корреляционный тест Мантеля); филогенетический анализ по STR-маркерам (построение филогенетических сетей, их датировка методами rho и ASD); обработка филогенетических деревьев, полученных по данным полного секвенирования Y-хромосомы, а также подготовка данных для картографического анализа.

Преимуществом работы является использование данных полногеномной эры в изучении соответствия филогенетического древа гаплогруппы G1 (на основе анализа протяженных участков MSY региона ~10 млн. п.н.) и традиционной генеалогии. Такой подход позволил представить в диссертации независимую оценку скорости SNP мутаций Y-хромосомы.

Основной вывод работы заключается в том, что в формировании межпопуляционной генетической изменчивости у кочевых обществ роль родоплеменной структуры может превышать роль географических расстояний. Обоснованность результатов, выдвинутых соискателем, основывается на согласованности данных эксперимента и научных выводов.

По теме диссертации опубликовано 12 публикаций, в том числе 6 статей в рецензируемых научных изданиях, рекомендованных ВАК.

Автореферат вызывает некоторые вопросы.

- 1) В частности, в реферате сказано, что «Межпопуляционное разнообразие Y-хромосомы много выше, чем других генетических систем» - каких систем, что имеется в виду?
- 2) Несколько преувеличено значение Y-хромосомы для судебно-медицинской экспертизы. Безусловно, наличие определенной гаплогруппы может исключить из подозрения лиц, носителей другой гаплогруппы. Но не являются ли аутосомные варианты более информативными и индивидуальными маркерами, по сравнению с Y-хромосомой, тем более, как показано на рис. 4, гаплогруппа G1 и ее подгруппы распространены от Испании до Японии и от Северной Европы до Индии и Индонезии, в то время как и в казахских кланах встречаются и другие гаплогруппы?
- 3) Относительно корреляции генетического и географического расстояний. Нет четкого анализа. Проведены тесты, но выводы в автореферате не сделаны. Впечатление, что AMOVA и корреляционный тест Мантеля дают разные ответы на поставленный вопрос.

Высказанные соображения ни в коей степени не снижают высокую оценку выполненной работы.

Таким образом, диссертационная работа Жабагина Максата Кизатовича полностью соответствует всем требованиям, представленным в «Положении о присуждении ученых степеней» (утверждено постановлением правительства РФ от 24.09.2013 №842), а ее автор заслуживает присуждения искомой степени кандидата биологических наук по специальности 03.02.07 – генетика.

Брюхин В.Б.

(к.б.н., ведущий научный сотрудник Центра геномной биоинформатики им. Ф.Г. Добржанского, Санкт-Петербургского государственного университета)

Подпись Брюхина заверяю

Подпись *В. Б. Брюхин*  
3/1  
Об реферате  
подписанный по адресу