

## ОТЗЫВ

Официального оппонента на диссертационную работу Жабагина Максата Кизатовича на тему “Анализ связи полиморфизма Y-хромосомы и родоплеменной структуры в казахской популяции”, представленную в диссертационный совет Д.002.214.01 при Федеральном государственном бюджетном учреждении науки «Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова» Российской академии наук на соискание ученой степени кандидата биологических наук по специальности 03.02.07 - генетика

Автором избрана весьма важная для современного этапа развития науки и актуальная тема, затрагивающая фундаментальную проблему соотношения биологической структуры человеческих популяций и социальных факторов на нее влияющих. Подобные темы не так часто являются предметом изучения, поэтому выбор диссертантом именно такого подхода нельзя не признать весьма актуальным. Кроме того, подобных исследований, посвященных казахскому народу, практически нет. В большей части имеющихся разработок, итоги которых, кстати сказать, во всей своей полноте рассмотрены автором в историографическом разделе исследования, казахские популяции привлекаются лишь для сравнения. Имеется только лишь четыре работы, где учитывается и анализируется внутренняя структура казахского этноса и показано, что «род» и «клан» могут быть информативными квазигенетическими маркерами. Основой для понимания популяционной структуры казахов являются шежире – специальные списки генеалогических связей, составляемые всеми тюркскими народами, которые в прошлом вели кочевой образ жизни. Надо сказать, что, как по охвату родоплеменных подразделений одного народа, так и по числу анализируемых маркеров Y-хромосомы представленная к защите диссертация не имеет аналогов.

Содержание диссертации в полной мере соответствует паспорту специальности 03.02.07 – генетика, а именно работа нацелена на изучение молекулярных и цитологических основ наследственности человека, генетической структуры человеческих популяций на примере казахских популяций.

М.К. Жабагин лично принимал участие в полевом сборе практически всего анализируемого материала, его лабораторной разработки и последующем научном осмыслении. Частично для исследования привлечены данные генеалогического проекта Kazakhstan DNA-project (<https://www.familytreedna.com/public/alash/default.aspx>), одним из со-администраторов которого является сам автор диссертации. Все выводы автора в полной мере обоснованы. Они базируются на суммарной выборке, охватывающей 2501

образец, представляющий 19 географических популяций казахов (N=1982, полученных в 18 районах Республики Казахстан и в Русско-Полянском районе Омской области Российской Федерации), три географических популяции узбеков (N=217), по одной популяции каракалпаков (N=100), туркмен рода йомуд (N=83), дунган (N=31) и монгольского рода борджигин (N=88). В анализ вошли сведения о трех социально-территориальных объединениях казахов (*жузах*), в составе которых изучены 12 родоплеменных групп, а в составе последних 49 так называемых кланов. Представлены данные и по двум родам, не относящимся к жузам. Для сравнения привлекаются данные из Базы данных Y-base, содержащей данные по изменчивости SNP и STR-маркеров Y-хромосомы у народов мира (2474 популяций). База создана под руководством диссертанта, О.П. Балановского на основе опубликованных литературных источников (N=238) и неопубликованных данных центра «Северная Евразия» («Genographic») по 275 популяциям 17 стран мира (Балановский 2015).

Все методы сбора данных, молекулярно-генетического и статистического анализов подробно автором описаны и полностью соответствуют международным стандартам. Никаких сомнений в достоверности полученных интереснейших результатов не возникает.

Надо подчеркнуть четкую, продуманную структуру диссертационного исследования: работа включает введение, три главы, раскрывающие историографию, привлеченные материалы, методы анализа и собственно полученные результаты, а также их обсуждение. Завершает диссертацию ясно написанное заключение и отдельно столь четко прописанные выводы. М.К. Жабагина отличает хорошее знание как генетических, так и гуманитарных источников, необходимых для получения обоснованных выводов. Диссертационная работа изложена на 148 страницах, проиллюстрирована 26 таблицами и 39 рисунками. Список литературы включает 324 источника, из которых 215 зарубежные.

Полученные автором результаты являются серьезным вкладом в науку. Впервые генофонд казахов охарактеризован по большой, статистически значимой выборке с учетом существенного числа их родоплеменных групп (14 родов) по широкой палитре маркеров (около 44 SNP и 17 STR). «Генетический портрет» изменчивости Y-хромосомы у них описан на трех уровнях популяционной системы: тотальная популяция, социально-территориальная структура (жузы) и родоплеменные группы. Чрезвычайно ценны все полученные диссертантом выводы. Во второй половине XX в. в мировой науке начала очень активно разрабатываться идея о ничтожности или даже отсутствии вклада социальных факторов в формирование генетической структуры человеческих популяций, в частности о невозможности характеристики этносов по биологическим –

антропологическим и генетическим – параметрам. М.К. Жабагин в полной мере обоснованно опровергает эту мысль. Он доказал, что генетические различия между разными субпопуляциями казахов определяются в большей степени родоплеменной, чем географической подразделенностью казахской популяции (различия между родовыми популяциями  $F_{ST}=0,31$ , различия между районными популяциями  $F_{ST}=0,21$ , по результатам AMOVA; частная корреляция генетических расстояний с родоплеменной структурой высока – 0,55, а с географическими расстояниями недостоверна – -0.07, согласно тесту Мантеля). И в то же время генофонд казахских, узбекских, туркменской, каракалпакской популяций бассейнов Амударьи и Сырдарьи структурирован не столько по климатическим или географическим факторам, сколько по фактору хозяйственно-культурной деятельности. Отрадно, что сходный вывод, касающийся культуры (например: Чவர், 1991, 2001) и антропологии (Дубова, 2011) получил, наконец, и генетическое подтверждение.

Крайне интересным и важным является впервые проведенный в диссертационном исследовании на основе полногеномного анализа Y-хромосомы детальный филогеографический анализ гаплогруппы G1. На основании, в том числе и собственных оригинальных данных, получен вывод о том, что она присутствует на широкой территории Евразии, где ее гаплотическое разнообразие варьирует от 92% в Иране до 0% в Монголии (стр. 97). Ее частота высока в географически удаленных друг от друга районах – Армянского нагорья и казахских степей. Автор делает вывод о том, что эта гаплогруппа могла бы обозначить генетическую связь между ираноязычным населением Юго-Западной Азии и популяциями центральноазиатских степей уже во II–I тыс. до н.э. Как полагает автор, высокое разнообразие гаплотипов G1 в западной части Ирана делает эту территорию наиболее вероятным кандидатом на роль прародины этой гаплогруппы. Представляется, что этот полученный вывод, соответствующий Анатолийской гипотезе о формировании протоиндоевропейцев (Renfrew, 1987), и хорошо согласующийся с палеоантропологическими данными (Ginzburg, 1956; Казарницкий, 2011; Dubova, 2014; Дубова, Куфтерин, 2015), будет весомым аргументом в дискуссии о прародине индоевропейцев, имеющей богатую историю и библиографию.

Особо надо отметить и разработку диссертантом еще одного, «кланового» метода оценки скорости мутирования Y-хромосомы, которая в литературе до сих пор оценивалась четырьмя методами – прямым подсчетом в родословных, по сравнению с шимпанзе, по археологическим датировкам и по древним образцам. Предложенный метод основан на использовании исторической даты жизни общего предка клана.

Кроме важных для фундаментальной науки выводов, М.К. Жабагином сделан важный вклад и в практические исследования. Так, полученные им результаты значительно увеличивают объем данных и представления о генофонде Центральной Азии, а соответственно и генофонде населения всего земного шара.

Для судебно-медицинской экспертизы обширный массив данных по изменчивости Y-хромосомы казахов обеспечивает создание надежной референтной базы как для ДНК-идентификации, так и для определения этногеографического происхождения. Ее важная особенность – определение не только географической, но и вероятной родоплеменной принадлежности неизвестного лица по образцу его ДНК, что значительно расширяет возможности экспертизы. Для медико-генетических исследований сформированные коллекции образцов и их генотипы послужат для формирования строгих контрольных выборок.

Полученные результаты имеют междисциплинарный характер и, кроме генетиков, представляют интерес для специалистов смежных наук (антропологов, археологов, этнографов, лингвистов, демографов, историков), занимающихся проблемами истории народонаселения Центральной Азии.

Полученный диссертантом вывод о ключевой роли родовой структуры в формировании генофонда актуален и для исследователей не только Центральной Азии, но и других регионов (Урала, Сибири, Дальнего Востока), где также сохраняется родоплеменная структура. Представляется, что особого внимания для возможных будущих генетических разработок заслуживает существование одноименных родов, племен в составе разных тюркоязычных народов (башкир, татар, узбеков, каракалпаков, туркмен, гагаузов).

Нельзя пройти мимо и вывода, сделанного автором на стр. 55, о том, что: «Генетический портрет изменчивости Y-хромосомы родоплеменных групп свидетельствует о наличии эффекта основателя в каждой родоплеменной группе». Кроме того, как далее указывает диссертант, «генетический портрет родоплеменных групп (по 40 гаплогруппам) характеризуется высоким уровнем межгруппового разнообразия ( $F_{ST}=0,30$ ) (30.3%) и генетических расстояний между группами (средняя  $d=1,44$ ), низким уровнем разнообразия линий (средняя  $GD=0,62$ ). Причем это значение  $F_{ST}$  является одним из самых высоких величин различий в мире между популяциями внутри одного народа, а среднее генетическое расстояние Нея ( $d$ ) между группами казахов максимально среди всех изученных по этому признаку народов Центральной Азии и Сибири...» (стр. 55). Но важно подчеркнуть и то, что нередко воспринимаемые мифологическими первопредки,

отмеченные с шежире, оказываются реально существовавшими и внесшими свой генетический вклад в будущее данного рода, племени, клана.

Бесспорно, результаты проведенной работы должны находить широкое применение в учебно-педагогическом процессе при подготовке курсов лекций и семинаров для студентов биологических, медицинских, исторических специальностей, и в популяризации науки.

Диссертация прекрасно оформлена, написана хорошим языком, хорошо вычитана и отредактирована, за исключением некоторых опечаток. Особых замечаний по тексту у меня не имеется. Однако не могу не отметить несколько обстоятельств. Прежде всего, это касается библиографических ссылок, используемых в работе. М.К. Жабагин очень хорошо владеет большим корпусом как генетических так лингвистических, археологических и других источников. В то же время при описании имеющихся исследований по генетической структуре разных народов по какой-то причине нет ни одной ссылки на работы, в том числе диссертационные И.А. Кутуева о народах Кавказа, в том числе ногайцев. Также при описании библиографии генетического изучения башкир нет ни одной ссылки на многочисленные публикации Э.К. Хуснутдиновой. Представляется, что даже при различии подходов и несогласии с теми или иными, в том числе методическими моментами, отметив их, нельзя не упомянуть таковые.

Второй момент относится к возможным рекомендациям при подготовке данной работы к итоговой публикации (монографии). Как выше уже было отмечено, один из важных выводов данного диссертационного исследования напрямую связан с проблемой прародины протоиндоевропейцев. Понятно, что в ограниченной по объему диссертации, нацеленной на анализ генетических процессов, это вряд ли можно было бы сделать. Но, учитывая важность ныне имеющихся аргументов, поддерживающих один из существующих взглядов, было бы желательно при публикации уделить больше внимания описанию имеющихся точек зрения на этот вопрос.

В целом надо сказать, что полученные автором результаты полностью соответствуют поставленным целями и сформулированным задачам исследования. Все они достигнуты и решены. Работа представляет собой единое, завершенное исследование. Число публикаций соискателя (всего 12 на русском и английском языках, в том числе 6 – в изданиях из списка ВАК) не только достаточно и соответствует критериям ВАК, но и превосходит таковые.

В заключение следует отметить, что представленный на рецензию текст диссертации и автореферата полностью соответствуют требованиям «Положения о порядке присуждения ученых степеней». М.К. Жабагином успешно, на богатом оригинальном, в

том числе собранном и самим диссертантом, материале решена проблема связи полиморфизма Y-хромосомы с родоплеменной структурой казахской популяции. Это вносит важный вклад в решение более общей междисциплинарной проблемы связи биологических процессов с социальными, что, безусловно, можно квалифицировать как серьезное научное достижение.

На основании выше изложенного можно сделать только один вывод. Работа, представленная Максатом Кизатовичем Жабагином «Анализ связи полиморфизма Y-хромосомы и родоплеменной структуры в казахской популяции», без всякого сомнения, работа соответствует современным требованиям п.9 «Положения о присуждении ученых степеней» степеней (постановление Правительства Российской Федерации от 24.09.2013 г. №842, в редакциях от 21.04.2016 г. № 335; от 02.08.2016 г. № 748), а ее автор Жабагин Максат Кизатович заслуживает присуждения ученой степени кандидата биологических наук по специальности 03.02.07 – генетика.

Главный научный сотрудник,  
зав. сектором этнической экологии  
Института этнологии и антропологии РАН  
кандидат биологических наук,  
доктор исторических наук,

Н.А. Дубова

03 декабря 2017 г.

подпись  
заверяю  
Зав. отделом кадров

*Дубова Н.А.*

*Марина И.В.*

