

ОТЗЫВ НА АВТОРЕФЕРАТ

диссертационной работы Жабагина 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.

Диссертационная работа Жабагина Максата Кизатовича посвящена исследованию Y-хромосомного генофонда казахов, представляющих одну из крупнейших родоплеменных систем евразийской степи. Подобные работы являются частью фундаментальных мировых исследований, связанных с выявлением генетического разнообразия человечества и историей его формирования.

Изучение генофонда казахов в генетическом контексте окружающих популяций позволяет определить главные тенденции в формировании генофондов населения центральных областей Евразии. Традиционная подразделенность казахов на патрилокальные группы и отслеживание генеалогии на семь мужских поколений делают казахов уникальным модельным объектом для изучения роли родоплеменной структуры в дифференциации генофонда.

В данном диссертационном исследовании получен обширный материал по результатам генотипирования SNR и STR маркеров и полного секвенирования Y-хромосомы казахов, который проанализирован с помощью современных генетико-статистических, филогенетических и филогеографических методов совместно с данными по другим популяциям Центральной Азии.

В основных результатах представленной диссертационной работы можно выделить несколько важных позиций.

1. Собран уникальный материал (около 2000 образцов из иерархически структурированных популяций казахов), пополнивший Биобанк народонаселения Северной Евразии, который является базисом для дальнейших научных исследований и применения в криминалистике и медицине.
2. Получены важные результаты, касающиеся географии и вносящие вклад в решение проблем этногенеза: на нескольких иерархических уровнях описан генофонд казахских популяций, определены взаимоотношения внутри клановых структур, оценена связь генетической и родоплеменной структуры генофонда, предложена генетическая реконструкция происхождения родоплеменных групп; определено положение казахов на генетическом пространстве Центральной Азии. Полученные результаты носят междисциплинарный характер и представляют большой интерес для специалистов смежных наук (антропологов, историков, этнографов, демографов).
3. Внесен вклад в решение проблемы генетических датировок на основе молекулярных часов: сопоставление родоплеменной структуры казахов с филогенетическим деревом гаплогруппы G1, реконструированным на основе нуклеотидной последовательности региона MSY, использовано для оценки скорости SNP мутаций Y-хромосомы.

