

УТВЕРЖДАЮ:

Директор

Федерального государственного бюджетного учреждения науки

Института общей генетики им. Н.И. Вавилова

Российской Академии Наук

д.б.н.

Кудрявцев А.М.

2017 г.



ЗАКЛЮЧЕНИЕ

Федерального государственного бюджетного учреждения науки

Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова

Российской академии наук

Диссертация «Генофонд коренных народов Крыма по маркерам Y-хромосомы, мтДНК и полногеномных панелей аутомомных SNP» выполнена в Федеральном государственном бюджетном учреждении науки Институте общей генетики им. Н.И. Вавилова Российской академии наук (Москва, Россия) и в Федеральном государственном бюджетном научном учреждении «Медико-генетический научный центр» (Москва, Россия).

В период подготовки диссертации соискатель Агджоян Анастасия Торосовна работала в лаборатории геномной географии Федерального государственного бюджетного учреждения науки Института общей генетики им. Н.И. Вавилова Российской академии наук (с 2012 г. и по настоящее время) и в лаборатории популяционной генетики человека Федерального государственного бюджетного научного учреждения «Медико-генетический научный центр» (с 2014 г. и по настоящее время) в должности научного сотрудника.

В 2010 г. окончила Харьковский национальный университет имени В.Н. Каразина (г. Харьков, Украина), биологической факультет, кафедру генетики и цитологии по специальности «Генетика».

Для подготовки диссертации на соискание ученой степени кандидата наук и сдачи кандидатских экзаменов без освоения программ подготовки научно-педагогических кадров в аспирантуре была прикреплена к Институту общей генетики им. Н.И. Вавилова Российской академии наук РАН.

Справка о сдаче кандидатских экзаменов выдана в 2017 г. Федеральным государственным бюджетным учреждением науки Институтом общей генетики им. Н.И. Вавилова Российской академии наук.

Научный руководитель – Балановский Олег Павлович, д.б.н., профессор РАН. работает в должности заведующего лабораторией геномной географии Федерального государственного бюджетного учреждения науки Института общей генетики им. Н.И. Вавилова Российской академии наук и (по совместительству) ведущим научным сотрудником в Федеральном государственном бюджетном научном учреждении «Медико-генетический научный центр».

По итогам рассмотрения диссертации «Генофонд коренных народов Крыма по маркерам Y-хромосомы, мтДНК и полногеномных панелей аутомных SNP» принято следующее **заключение:**

Актуальность исследования

Геногеография народонаселения позволяет реконструировать генетическую историю популяций, фиксировать временной срез настоящего и моделировать динамику генофондов в будущем. Это особенно актуально для исследования истории популяций в регионах, насыщенных историческими событиями. При подробнейшей изученности генофонда Европы, «белым пятном» на нем оставалось автохтонное население Крымского полуострова, генетическая история которого крайне запутана. Крайняя скудность либо отсутствие генетических данных о популяциях

крымских татар, греков и караимов в научной литературе создают необходимость исследований их генофонда. Диссертация Агджоян А.Т. посвящена изучению генофонда коренных народов Крыма по данным трех систем генетических маркеров Y-хромосомы, мтДНК и полногеномных панелей аутосомных SNP.

Научная новизна и практическая значимость исследования

Впервые сформированы репрезентативные коллекции биологических материалов и генеалогической информации для популяций коренных народов Крыма: степных, горных и южнобережных крымских татар, греков урумов и румеев, караимов (N=476).

Впервые проведенный анализ генофонда Крыма параллельно по данным гапloidных (гаплогрупп Y-хромосомы, мтДНК) и аутосомных полногеномных панелей маркеров выявил согласованность всех трех генетических систем в характеристике генофонда автохтонных народов Крыма: подразделенность генофонда крымских татар на «северный» (степные) и «южный» (горные и южнобережные) сегменты, а также генетическую близость «южного» сегмента к генофонду крымских греков (урумов и румеев); доминирующую роль переднеазиатского влияния на генофонд караимов; отсутствие влияния генофондов соседних восточнославянских.

Впервые рассмотрены генетические взаимоотношения популяций крымских, поволжских и сибирских татар, показана генетическая близость крымских татар только к одной из групп сибирских татар (ялutorовских).

Впервые по данным полного секвенирования Y-хромосом гаплогрупп G1, R1b и N3 в генофонде крымских татар обнаружены вероятные следы миграций носителей индо-иранских языков, носителей ямной археологической культуры бронзового века, носителей «восточно-европейского» (N3a3) и «центрально-азиатского» (N3a5) вариантов гаплогруппы N3.

Впервые предложена модель формирования генофонда автохтонного населения Крыма на основе трех миграционных потоков: населения Восточного Средиземноморья (античного и средневекового); тюркоязычных кочевников из степей Северного Причерноморья и Прикаспия; переднеазиатских популяций.

Степень достоверности результатов проведенных исследований

Работа выполнена на высоком методическом уровне, использован широкий спектр методов, как молекулярно-генетических, так и биоинформатических, не вызывающих сомнения в степени достоверности и воспроизводимости полученных результатов, полученных Агджоян А.Т.

Соответствие диссертационной работы избранной специальности

Диссертационная работа соискателя Агджоян А.Т. соответствует избранной специальности 03.02.07 – генетика (согласно пп.2, 12, 14, 17 Паспорта номенклатуры специальностей научных работников по данной специальности).

Личный вклад соискателя

Автор лично проводил экспедиционное обследование популяций крымских татар (в 2013 г.) и координировал сбор образцов караимов (в сотрудничестве с Караимским обществом Москвы).

Автор лично проводил экспериментальный анализ: выделение ДНК; измерение концентрации; создание рабочих и архивных ДНК-коллекций; генотипирование SNP-маркеров Y-хромосомы; обработку первичных результатов анализа STR-маркеров Y-хромосомы; анализ первичных данных секвенирования (трейсов) для участков ГВС1 и ГВС2 мтДНК; пробоподготовку (отбор ДНК-коллекций, промер концентраций и приготовление аликвот) для генотипирования полногеномных панелей маркеров; ведение баз данных - анкетной информации, изученных образцов ДНК, результатов генотипирования отдельных маркеров, сводных баз

данных генотипирования маркеров Y-хромосомы и фрагментов мтДНК; данных полногеномного анализа.

Автором проведен практически весь объем статистического анализа - от расчета частот аллелей и генетических расстояний до многомерного шкалирования и анализа главных компонент - по трем системам маркеров, картографирование распространения гаплогрупп Y-хромосомы и предковых компонент ADMIXTURE, построение карт генетических расстояний Нея от изученных популяций. В сотрудничестве с коллегами проведен филогенетический анализ полных митохондриальных геномов и Y-хромосом, биоинформационный анализ предковых компонент методом ADMIXTURE.

Автор лично оформлял результаты для представления в виде тезисов и докладов на научных конференциях, принимал активное участие в подготовке и написании статей по результатам работы.

Полнота изложения материалов диссертации в печатных работах

Основные результаты исследования опубликованы в 19 научных работах, в том числе в 6 публикациях в ведущих рецензируемых научных журналах, рекомендованных ВАК РФ для защиты диссертаций.

Материалы данной работы были представлены: на международной конференции «Human Evolution: Fossils, Ancient and Modern Genomes» (Англия, Хинкстон, 20-22 ноября 2017 г.); на III молодежной антропологической конференции «Актуальные проблемы физической антропологии: преемственность и новые подходы» (Москва, 2017); на Всероссийской конференции с международным участием «50 лет ВОГиС: успехи и перспективы» (Москва, 2016); на антропологической секции XVII Западносибирской археолого-этнографической конференции «Восток и Запад: проблемы синхронизации этнокультурных взаимодействий», посвященной 110-летию Г.Ф. Дебеца (Москва, 2016); на Международной научной школе «Крым в системе политических и экономических связей с культурами Евразийской степи и цивилизациями Востока» (Санкт-

Петербург, 2016); на международной конференции American Society of Human Genetics (Vancouver, 2016); на Всероссийской конференции с международным участием «Актуальные проблемы современной генетики», посвященной 40-летию кафедры генетики КФУ (Казань, 2016); на Международной научной конференции «Эволюционный континуум рода Homo», посвященной 125-летию со дня рождения В.В. Бунака (VIII Бунаковские чтения; Москва, 2016); на итоговой конференции Международной полевой школы в Болгаре (Болгар, 2015); на международной конференции European Society of Human Genetics (Glasgow, 2015); на VII Съезде Российского общества медицинских генетиков (Санкт-Петербург, 2015); на VI Съезде Вавиловского Общества Генетиков и Селекционеров (Ростов-на-Дону, 2014); на 19th Congress of the European Anthropological Association “Anthropology: Unity in Diversity” (Moscow, 2014); на конференции молодых ученых ФГБУ «МГНЦ» РАМН (Москва, 2014); на Международной конференции «Проблемы генетики населения и этнической антропологии», посвященной памяти Ю.Г. Рычкова (Москва, 2013); на конференции программы РАН "Молекулярная и клеточная биология: прикладные аспекты" (Москва, 2012); на VIII Международной научной конференции «Факторы экспериментальной эволюции организмов» (Алушта, 2013); на VI Международной конференции молодых ученых «Биология: от молекулы до биосферы» (Харьков, 2011).

Диссертация является научно-квалификационной работой, в которой на основании проведенных автором исследований впервые охарактеризована структура генофонда коренного населения Крыма по данным трех систем генетических маркеров, проведено сопоставление закономерностей, выявленных по маркерам Y-хромосомы, мтДНК и полногеномных панелей аутомных SNP, друг с другом и с данными других наук, предложены модели формирования генофонда коренных народов Крыма. Работа Агджоян

А.Т. полностью соответствует критериям, которым должна отвечать диссертация.

Диссертация Агджоян Анастасии Торосовны «Генофонд коренных народов Крыма по маркерам Y-хромосомы, мтДНК и полногеномных панелей аутомомных SNP» рекомендуется к защите на соискание учёной степени кандидата биологических наук по специальности 03.02.07 - генетика.

Заключение принято на заседании межлабораторного семинара Федерального государственного бюджетного учреждения науки Института общей генетики им. Н.И. Вавилова Российской академии наук.

Присутствовало на заседании 16 человек, в том числе 6 докторов биологических наук. Результаты голосования:

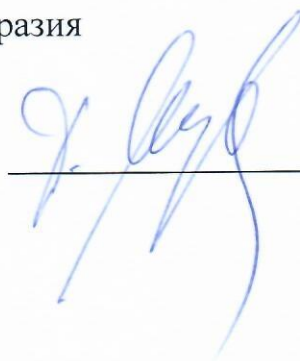
«за» – 16 человек, «против» – 0 человек, «воздержалось» – 0 человек, протокол № 4 от «11» мая 2017 г.

Председатель заседания:

зав. лаб. генетических основ биоразнообразия

ИОГен РАН,

д.б.н., проф.



Муха Д.В.