

ОТЗЫВ
на автореферат диссертационной работы
ЧУХРЯЕВОЙ Марины Игоревны
«Сравнительный анализ генофондов популяций индоевропейской и
других лингвистических семей в зонах их контактов»,
представленной на соискание ученой степени кандидата биологических
наук по специальности 03.02.07 - «генетика»

Популяционно-генетическое изучение народов мира является одним из самых актуальных направлений генетики человека. Оно необходимо для решения не только вопросов этногенеза отдельных народов, но медико-генетических задач. Работа Чухряевой М.И. посвящена глубокому изучению генетической структуры популяций, представляющих индоевропейскую языковую семью. Глубина представленного исследования связана, в первую очередь, с анализом полногеномных данных об аутомных SNPs с использованием панели GenoChip, который позволяет достаточно подробно оценить различия между популяциями по данным аутом. При этом одновременное использование данных по Y-хромосоме даёт возможность провести детальный филогенетический анализ, поскольку Y-хромосома является признанным и одним из наиболее надёжных популяционно-генетических инструментов для решения задач такого рода.

В результате выполненной диссертационной работы были выполнены все поставленные задачи. Выборки, сформированные как для полногеномного анализа аутомных SNPs, так и для анализа маркеров Y-хромосомы являются достаточными и репрезентативными. Для некоторых популяций количество человек, взятых для анализа аутомом, меньше 10: карелов (7 человек), вепсов (4 человека) и крымских татар (8 человек). Однако анализ на чипах предполагает, что каждый образец анализируется отдельно (без привязки к конкретной популяции) и с большим количеством полиморфных вариантов, поэтому в данном случае количество индивидов считается достаточным, особенно учитывая большое количество взятых для сравнения опубликованных данных. Проведённые автором статистические анализы, в том числе биоинформатическая обработка данных панели GenoChip, несут в себе новую информацию и позволяют в достаточной степени охарактеризовать индоевропейские популяции.

При этом хотелось бы сделать некоторые небольшие замечания, касающиеся текста автореферата. Целью исследования является, в частности, анализ сходства по широкогеномным панелям, в то время как в задачах и по тексту говорится о полногеномных данных. Поскольку речь в данном случае идёт об одном типе данных (genome-wide), то рекомендуется использовать одну терминологию. Также оценку работы несколько затрудняют опечатки в методах анализа – при чтении создаётся впечатление, что анализ Admixture также был выполнен в программном пакете R, а PCA в программе plink версии 1.07. При этом анализ главных компонент появился в более поздней версии и непонятно, был ли он выполнен в ней или в стандартной для таких расчётов программе Smartpca пакета

EIGENSOFT. В то же время анализ Admixture проводится в одноимённой программе.

Эти замечания являются техническими и не снижают высокой актуальности и новизны, выполненной работы, выполненной автором на высоком научном уровне, о чём свидетельствуют в том числе публикации в рецензируемых научных журналах.

Таким образом диссертационная работа Чухряевой М.И. является законченным научным исследованием, выполненным на актуальную тему, цель и задачи которого выполнены в полном объёме, а диссертант заслуживает присуждения ему ученой степени кандидата биологических наук по специальности 03.02.07 - «генетика».

Старший научный сотрудник
лаборатории молекулярной генетики человека
Института биохимии и генетики – обособленного структурного подразделения
Федерального государственного бюджетного научного учреждения Уфимского
федерального исследовательского центра Российской академии наук
ИБГ УФИЦ РАН
кандидат биологических наук

Литвинов Сергей Сергеевич

« 26 » ноября 2018 г.



450054, г. Уфа, Проспект Октября, 71
Тел. +7347(2356088); +79174526979. seregtg@gmail.com

Подпись Литвинова Сергея Сергеевича заверяю:

Ученый секретарь ИБГ УФИЦ РАН
доктор биологических наук

Гималов Фуат Рамазанович

