

ОТЗЫВ

официального оппонента на диссертацию Казиминова Петра Алексеевича "Генетическая структура популяций волка России и факторы её формирования", представленную на соискание ученой степени кандидата биологических наук по специальности 1.5.7. Генетика

Актуальность темы исследования. Изучение генетической изменчивости широкоареальных видов – непростая, но крайне интересная задача. Разработанная на основе морфологических характеристик подвидовая система для таких видов млекопитающих, как правило, оказывается дискредитирована при получении комплексных генетических данных. Еще один интересный вопрос – возникновение новых генетических вариантов и анализ их адаптивного значения. И, наконец, один из самых сложных, – вопрос о возможности межвидовой гибридизации и особенностях эволюции геномов в случае древней или современной гибридизации. В диссертационной работе П.А. Казиминова рассматриваются эти вопросы на примере волка *Canis lupus* Linnaeus, 1758.

Научная новизна работы. Впервые изучена генетическая структура популяций волка на территории России и прилегающих районов Казахстана с использованием анализа изменчивости маркеров ядерной ДНК и фрагментов мтДНК (для выборки из европейской части России и Сибири). Показано, что на изученной обширной территории в популяциях волка сохраняется высокий уровень генетического разнообразия, но генетическая дифференциация популяций выражена слабо и не соответствует ранее описанным подвидам. Актуальность и научная новизна диссертационного исследования не вызывают сомнений.

Научно-практическая значимость работы. Результаты диссертационного исследования важны для разработки программ регуляции численности различных видов животных, особенно для установления квот добычи волка, в первую очередь, для европейской части России, где популяции испытывают наибольший антропогенный пресс и более уязвимы по сравнению с другими популяциями волка на территории России.

Оценка содержания диссертации, ее завершенности и оформления.

Диссертационная работа изложена на 147 страницах, содержит 16 рисунков, 7 таблиц в основном тексте и три – в Приложении. Диссертация имеет классическую структуру: "Введение", Глава 1. "Обзор литературы," Глава 2. "Материалы и методы", Глава 3. "Результаты", Глава 4. "Обсуждение," "Заключение", "Выводы", "Благодарности", "Список литературы", "Приложение". Список использованной литературы включает 204 источника, из них 31 публикация на русском языке и 173 – на английском языке.

Во "Введении" автор обосновывает актуальность выбранной темы, описывает научную новизну, теоретическое и практическое значение, формулирует цель и задачи исследования, а также положения, выносимые на защиту. Цель исследования, задачи и положения, выносимые на защиту, сформулированы корректно.

Глава 1. "Обзор литературы" состоит из 5 разделов, структура главы логична: от эволюционной истории волка автор переходит к краткому описанию биологии вида, а затем к современному состоянию внутривидовой систематики и популяционно-генетических исследований части ареала вида, расположенной на территории России. Отдельного внимания заслуживает раздел, в котором проанализированы основные современные данные о гибридизации в природе волка с красным (*C. rufus*) и восточным (*C. lycaon*) волками, обыкновенным шакалом (*C. aureus*), африканским волчьим шакалом (*C. lupaster*), койотом (*C. latrans*) и домашней собакой. Сложность выявления следов гибридизации при использовании ограниченного набора генетических маркеров, а не полных геномов, активно обсуждается в литературе, этот аспект отмечен диссертантом.

В Главе "Материал и методы" описан материал, а именно: 878 образцов из 48 регионов России и Республики Казахстан, приведена карта (рис. 2), на которой схематично показаны выделенные популяции и места отлова животных. Карты-схемы абсолютно необходимы для представления выборки и результатов анализа генетической изменчивости природных популяций, в диссертации их довольно много. В следующих подразделах описаны методики, включая

выделение тотальной ДНК, достаточно подробное описание использованных микросателлитных локусов (тестировали 31 микросателлитный локус, использовали в анализе максимум 20), ПЦР. Внушительен список пакетов программ, использованных для статистической обработки матрицы генотипов (подраздел 2.3.2). Подробно описано как было определено влияние семейной структуры на генетическую структуру популяций и как выбраны критерии исключения родственных особей (подраздел 2.3.3). В двух подразделах (2.3.4 и 2.3.5) указаны пакеты программ, использованные для анализа популяционной дифференциации, популяционной структуры и генетического разнообразия, включая широко используемые, такие как Structure, и более специализированные.

Определение видовой принадлежности проводилось с использованием фрагментов мтДНК (*cytb*, секвенирование) и яДНК (*ZfY* и *ZfX*, анализ ПЦР) и аутосомных маркеров (рестриктазный анализ двух локусов генов *ADCY8* и *RYR3*). Был также проведен комбинированный анализ изменчивости митохондриальных маркеров и микросателлитов на выборке 198 особей.

В целом, спектр использованных диссертантом молекулярно-генетических методов, анализа нуклеотидных последовательностей, методов статобработки результатов и филогенетических реконструкций достаточно широк и свидетельствует о высокой квалификации П.А. Казиминова.

Глава 3. "Результаты" включает 6 разделов, в первых трех описываются полученные данные по микросателлитному анализу, анализу изменчивости мтДНК и анализу комбинированных данных, далее представлен анализ влияния антропогенных и географических факторов на популяционную динамику волка, описано исследование возможной гибридизации волка и домашней собаки или шакала по молекулярно-генетическим маркерам и морфологии (характеристики черепа). Основные выводы исследования были получены на основе анализа микросателлитов. Результаты опубликованы в 5 статьях. Необходимо отметить, что шестой раздел данной главы – это описание пакета для среды R, созданный диссертантом, он позволяет не только анализировать данные по

микросателлитам, причем для самых востребованных задач, но и облегчает поиск литературы по заданной тематике. Данный пакет доступен по приведенной в диссертации ссылке и, несомненно, будет востребован широким кругом исследователей.

Практически в самом начале Главы 4. "Обсуждение" автор обращает внимание (что случается не очень часто и поэтому особенно отрадно) на проблему оценки репрезентативности выборки. Эта многогранная проблема в случае волка отягощена высокой мобильностью одних особей и территориальностью других, обширным ареалом, наличием родственных связей, точнее, необходимостью их обнаружить и учесть в популяционном анализе. В целом, обсуждение результатов выстроено логично и хорошо отражает весомый вклад диссертационного исследования в современные представления о генетической структуре популяций волка на обширной части его ареала (Россия и прилегающие территории Казахстана).

Обоснованность научных положений, достоверность выводов и заключений диссертационной работы. Результаты получены для большой выборки волка и нескольких родственных видов с использованием адекватных современных молекулярно-генетических методик и всесторонне проанализированы с использованием разнообразных методов обработки данных, что позволяет считать их достоверными. Выводы соответствуют поставленным цели и задачам. **Личный вклад** П.А. Казиминова может быть оценен как основной на всех этапах работы: от анализа современного состояния изученности объекта, постановки цели и задач исследования, до анализа результатов секвенирования и рестрикционного анализа, подготовки публикаций. По теме диссертационного исследования опубликованы 5 статей в профильных рецензируемых научных журналах из перечня ВАК, а также 9 тезисов, результаты работы докладывались на нескольких конференциях, в том числе с международным участием. В статьях диссертант был либо первым автором (4 статьи), либо последним (1 статья), что свидетельствует о его доминирующем вкладе в опубликовании исследований. Таким образом, результаты, полученные при подготовке диссертации, прошли

экспертизу в виде рецензий при публикации и обсуждении на конференции, что подтверждает достоверность полученных данных.

Автореферат отражает основное содержание диссертационной работы.

Замечания. В тексте практически отсутствуют опечатки, но встречаются неудачные выражения.

На стр. 24 "описаны неонатальные (осуществляемые молодыми особями) миграции" – неудачная формулировка и неверное использование термина "неонатальные".

На стр. 30 приведены современные представления о происхождении и эволюции домашней собаки, но не указаны источники.

Стилистически неудачно представлено описание изменчивости черепа у предполагаемых гибридов, например, стр. 88: "По результатам первого краниометрического анализа наблюдалось удаление черепа собаки от общей группы по первой главной компоненте" и далее, см. раздел 3.5.4.

Исходная выборка весьма значительна (878 образцов), но не для всей выборки получены фрагменты, причем довольно короткие, *D-loop* (458 п.н.) и *сyt b* (401 п.н.), что делает эти маркерные последовательности не очень информативными для анализа изменчивости и возможной гибридизации.

Подписи к рисункам малоинформативны, не везде указаны маркеры, на основе которых проведен анализ (см. подписи к рисункам 3, 4, 5 в автореферате, к рисункам 7 – 12 в тексте диссертации).

Следует подчеркнуть, что данные замечания носят технический характер и не снижают общего высокого уровня представленной работы.

Материалы диссертации могут быть использованы в таких ведущих исследовательских институтах как ИПЭЭ РАН, ИБР РАН, ИЦиГ СО РАН, ЗИН РАН, МГУ им. М.В. Ломоносова и других, где ведутся исследования по популяционной генетике и эволюции, а также при проведении природоохранных мероприятий, в лекционных и практических курсах по генетике и зоологии в высших учебных заведениях.

Заключение. Диссертационная работа Казиминова Петра Алексеевича "Генетическая структура популяций волка России и факторы её формирования", выполненная под руководством доктора биологических наук Политова Дмитрия Владиславовича, является завершённой научно-квалификационной работой, выполненной на высоком научно-методологическом уровне с использованием современных методов исследования. Результаты, приведённые в работе, имеют высокую значимость для решения проблем современной генетики и эволюционной биологии. Диссертационная работа по содержанию, актуальности, новизне, научному и методическому уровню, научно-практической ценности полученных результатов полностью соответствует критериям, предъявляемым к диссертациям на соискание учёной степени кандидата наук п. 9 "Положения о порядке присуждения ученых степеней", утвержденных постановлением Правительства РФ от 24 сентября 2013 г. № 842 (с действующими изменениями), а ее автор, Казимиров Петр Алексеевич заслуживает присуждения искомой степени кандидата биологических наук по специальности 1.5.7. Генетика.

доктор биологических наук
главный научный сотрудник лаборатории
эволюции генома и механизмов видообразования
Федерального государственного бюджетного
учреждения науки Институт биологии развития
им. Н.К. Кольцова РАН

И.Ю. Баклушинская

29 апреля 2026 г.

119334 Москва ул. Вавилова, 26 ИБР РАН
+7 499 1353322
i.bakloushinskaya@idbras.ru
Ирина Юрьевна Баклушинская

подпись И.Ю. Баклушинской заверяю
ученый секретарь ИБР РАН,
кандидат биологических наук, доцент

29.04.20262



М.Ю. Хабарова