

Отзыв

на автореферат диссертации Казиминова Петра Алексеевича «Генетическая структура популяций волка России и факторы её формирования», представленной на соискание ученой степени кандидата биологических наук по специальности 1.5.7 – генетика

Волк (*Canis lupus L.*) давний объект разнообразных экологических и этологических исследований, а в последние десятилетия и популяционно-генетических. О месте и роли этого хищника в естественных и трансформированных экосистемах, а также о взаимоотношениях с человеком, во всем мире, написаны тысячи статей и, пожалуй, сотни монографий. Все это говорит о высокой изученности объекта, в том числе и различных вопросов его биологии, морфологии, физиологии, взаимоотношениях в системе «хищник-жертва» и даже «паразит-хозяин», однако все еще остается немало плохо или совсем неизученных вопросов. Одному из существенных «пробелов» в изученности мировой популяции волка и посвящена данная диссертационная работа, а именно популяционно-генетической структуре населения волка России и Казахстана, и факторам ее формирования. Выбор темы исследования обуславливает высокую **актуальность** представленной диссертации. Несомненна **теоретическая и практическая значимость** работы на фоне важной роли волка в природных сообществах и в хозяйственной деятельности человека. Отдельные блоки диссертационного исследования опубликованы в ряде статей в рецензируемых изданиях, входящих в перечень ВАК РФ и апробированы на конференциях различного уровня.

В методической части, автор опирается на ставший традиционным, в такого рода работах, надежный набор, включающий генетические маркеры с разным типом наследования – ядерные (микросателлитные) и митохондриальные (фрагмент D-петли). Кроме того, при выявлении гибридных особей выполнен анализ фрагмента гена цитохрома b, генотипирование по Y-хромосоме и SNP. Работа базируется на внушительной выборке – 878 образцов от животных, добытых в 48 регионах России и Республики Казахстан. Здесь, следует заметить, что меньшую выборку на пространственной шкале такого масштаба, для изучения генетической структуры популяций вида с космополитичным ареалом и высокой подвижностью, и попыткой «отсечения» влияния родственных связей, трудно и представить. Репрезентативный размер выборки напрямую влияет на выводы работы и свидетельствует в пользу их достоверности. Также следует отметить, что количество микросателлитных локусов – 20, использованных диссертантом, считается достаточным для оценки родственных взаимоотношений.

Вопросы и комментарии к тексту автореферата. Полученные результаты демонстрируют общий высокий уровень генетического разнообразия волков изучаемого региона с некоторыми региональными вариациями и низкой межпопуляционной дифференциацией. Автор подчеркивает большое значение семейной структуры в оценке популяционной у волков, и, несомненно это так, но подтверждением этому служат слабые положительные уровни автокорреляции. Все же, для оценки степени и характера затухания родственных связей необходимо провести более сфокусированное в пространственно-временном отношении исследование с использованием неинвазивного биоматериала. Подвергнем некоторому сомнению тезис о значительной изолированности карельских и финских волков пограничными ИТС (стр. 13), опираясь на свой обширный опыт работы в данном регионе и не только с этим видом млекопитающих. Здесь уровень

дифференциации, несомненно, тесно связан со стайным образом жизни вида, но картина усложняется процессом восстановления финской популяции, «насыщения волками» приграничной зоны и принципиальными различиями в популяционном менеджменте крупных хищников в двух государствах.

Автор отмечает, что фрагментный анализ выполнялся в разных лабораториях, но непонятно на одинаковом или разном оборудовании и как в данном случае калибровались и соотносились полученные результаты, осталось неясно (пп. 2.3, стр. 10).

Также хотелось бы, чтобы автор раскрыл почему использована именно эта связка праймеров CR1 мтДНК – MITF и MITR, а не, например – Thr-L 15926 и DL-H 16340, с которых, во многом, начиналось глобальное картирование мтДНК гаплотипов волков?

Трудно согласиться с присвоением волку статуса животного с высокой миграционной активностью (стр. 6 и далее). Миграции – это термин, в большей степени, имеющий отношение к регулярным в пространстве и по времени, либо массовым перемещениям животных. Для волков, в подавляющем большинстве случаев, скорее подходят определения – эмиграция или расселение, характеризующие индивидуальную подвижность животных.

Вопрос межвидовой гибридизации в автореферате освещен, на мой взгляд, недостаточно. Почему для этого использован совершенно другой набор маркеров? Также из методов непонятно сколько образцов волков и собак было использовано и по каким критериям их отбирали (хотя в Результатах эта информация частично раскрывается)? Насколько использованные образцы соотносятся друг с другом в пространстве и во времени, как волчьи, так и собачьи? Хотелось бы увидеть результаты анализа выборок в упомянутой в Методах программе NewHybrids (стр. 12). Краниологический анализ десятка черепов (стр. 12.) для установления возможности межвидовой гибридизации представляется малоинформативным в сравнении с выводами на эту тему у Кораблев и др., 2023 (Rus. J. Theriol. 22 (1): 62–73.).

Оценивалась ли охота на волков и ее интенсивность среди факторов, влияющих на динамику популяционной структуры вида (стр. 23)?

Уверен, что ответы на поставленные вопросы скрываются на страницах самой диссертации и автору не составит труда их найти.

Выполненное П. А. Казимировым диссертационное исследование представляет собой внушительную научную работу, по сути – первое популяционно-генетическое исследование волка России такого географического охвата и сложности поставленных цели и задач, в особенности, в плане выявления влияния родственных связей на популяционную структуру. Реализовано исследование с применением актуальных методик популяционно-генетических исследований. Петр Алексеевич продемонстрировал прекрасное владение современными подходами биоинформационной обработки данных, особенно с использованием пакетов среды R, которые собрал в архив и сделал доступным для скачивания, чем безусловно заслужил искреннюю благодарность многих коллег и последователей. Возникшие к работе вопросы являются неизбежным следствием ее масштабности обосновывающие необходимость продолжения изучения волков Палеарктики.

Считаю, что данная диссертационная работа соответствует всем требованиям, предъявляемым к диссертациям на соискание ученой степени кандидата биологических наук в соответствии с п. 9 «Положения о порядке присуждения ученых степеней», утвержденного Постановлением Правительства Российской Федерации от 24.09.2013 г. №

842, а ее автор Казимиров Пётр Алексеевич заслуживает присвоения степени кандидата биологических наук по специальности 1.5.7 – генетика.

Я, Тирронен Константин Феликсович, согласен на включение в аттестационное дело и дальнейшую обработку моих персональных данных, необходимых для процедуры защиты диссертации Казимирова Петра Алексеевича «Генетическая структура популяций волка России и факторы её формирования», исходя из нормативных документов Правительства РФ, Минобрнауки РФ и ВАК при Минобрнауки РФ, в том числе на размещение их в сети Интернет на сайте ИОГен РАН, на сайте ВАК, в единой информационной системе.

Тирронен Константин Феликсович

ученая степень – кандидат биологических наук (03.00.16 – экология; 06.02.03 – звероводство и охотоведение),

ученое звание – нет,

ведущий научный сотрудник, Лаборатория зоологии, Институт биологии, Федеральное государственное бюджетное учреждение науки Федеральный исследовательский центр «Карельский научный центр Российской академии наук»

185910, г. Петрозаводск, ул. Пушкинская, д.11.

<http://www.krc.karelia.ru/structure.php?id=P13>

Телефон: +7(8142) 76-98-10

e-mail: konstantin.tirronen@gmail.com

«13» мая 2026 г.

Подпись <i>Тирронен К.Ф.</i> удостоверяю
Главный документовец ИБ КарНЦ РАН
<i>Фомина</i> Е.В. Фомина
«13» <i>мая</i> 20 <i>26</i> г.



К.Ф. Тирронен