

**УТВЕРЖДАЮ**  
Директор Федерального государственного  
бюджетного учреждения науки  
Зоологического института  
Российской академии наук,  
Член-корреспондент РАН



Чернецов Н.С.  
21 апреля 2026 г.

## ОТЗЫВ

ведущей организации

на диссертационную работу Тотикова Азамата Альбертовича “ГЕНЕТИЧЕСКОЕ РАЗНООБРАЗИЕ И ФИЛОГЕНИЯ РОДА *MUSTELA* (СЕМ. MUSTELIDAE)”, представленную на соискание ученой степени кандидата биологических наук по специальности 1.5.7. – Генетика (биологические науки)

### **Основные научные результаты и их актуальность для науки и практики**

Диссертационное исследование Азамата Альбертовича Тотикова направлено на изучение геномики, генетики, цитогенетики и эволюции хищных млекопитающих рода *Mustela* семейства куньих. Хотя эта группа включает ряд хорошо известных видов, таких как, например, ласки, хорьки и европейская норка, и была объектом пристального внимания биологов, многие фундаментальные аспекты генетики и прикладные аспекты сохранения разнообразия куньих не могли быть решены без применения полногеномных данных. Диссертация А.А.Тотикова в значительной степени решает эту проблему.

В работе и в результатах А.А. Тотикова можно выделить три направления. Первое из них – это сравнительная геномика видов, с выходом на анализ кариотипов и хромосомных перестроек, то есть на то, что называлось бы цитогенетикой, если бы изучалось с помощью микроскопа. В диссертации Азамата Альбертовича Тотикова это делается на основании получения и изучения геномных сборок хромосомного уровня, то есть с использованием биоинформатических подходов, а не микроскопии. Как мы видим по результатам диссертанта, этот подход дает невероятные ранее возможности для выявления структуры и изучения эволюции хромосом и хромосомных наборов.

Второе направление – популяционно-генетическое, которое приводит к эволюционным выводам и заключениям, имеющими отношение к генетической

структуре и демографии изучаемых видов.

Третье направление – филогенетическое, раскрывающее историю дивергенции эволюционных линий и процессы видообразования в пределах рода *Mustela* и также затрагивающее сестринскую группу – род *Neogale* (также известный под названием *Neovison*).

Эти три направления объединяет то, что они используют методы и методологии, основанные на получении и анализе полногеномных данных и широком применении биоинформатических подходов.

Несомненным достоинством диссертации является то, что исследование носит комплексный характер и выполнено на стыке нескольких дисциплин. Помимо уже отмеченной генетики - это также бionформатика (разработка и использование методов математической биологии), а также зоология (диссертации вносит несомненный и весомый вклад в изучение систематики и биоразнообразия куньих) и эволюционная биология. Находясь на пересечении нескольких дисциплин, работа имеет широкое общебиологическое звучание и дает стимулы для развития разных направлений в биологии, что определяет ее актуальность.

Поскольку куньи имеют заметное значение в функционировании экосистем, являясь наиболее обычными и многочисленными представителями хищных млекопитающих во многих биоценозах, а некоторые виды исторически являются объектами промысла и разведения, то изучение их эволюции и систематики может в перспективе иметь значение для практики.

### **Научная новизна, достоверность и значимость результатов**

Научная новизна диссертационного исследования определяется несколькими составляющими. Первое – это использование наиболее продвинутой на данный момент времени методологии получения и анализа геномов, приводящей к получению геномных сборок хромосомного уровня. Использование этого подхода позволило не только получить впервые геномные сборки для части изученных таксонов, но и обеспечила совершенно новый и очень высокий уровень популяционных и филогенетических анализов.

Второе - это получение новой, наиболее полной и наиболее обоснованной филогенетической реконструкции рода *Mustela*. Эта реконструкция с одной стороны является самодостаточной как основа для построения таксономической системы

подсемейства, с другой стороны она источник и стимул для дальнейших таксономических и филогенетических исследований, а с третьей стороны она инструмент для разного рода эволюционных анализов с использованием методов сравнительной филогенетики.

Полученная филогения была использована в диссертационном исследовании А.А.Тотикова для выявления анцестрального кариотипа в роде *Mustela* и для реконструкции его эволюционных трансформаций – выявления конкретных хромосомных слияний и разделений, которые вели к преобразованию кариотипа. Этот анализ и его результаты являются еще одной и важной составляющей диссертации, определяющей ее новизну и значимость.

Достоверность полученных результатов не вызывает сомнения в первую очередь потому, что они были получены с использованием широкого спектра современных методов и методологий, которые детально описаны в публикациях автора и в самой диссертации и, как показывает анализ данных и выводов, адекватно применены. Все полученные последовательности депонированы в соответствующих базах данных и доступны для проверки и повторного использования. Результаты исследования опубликованы в высокорейтинговых международных научных журналах, и соответственно, прошли строгую и квалифицированную проверку, осуществленную рецензентами.

### **Структура и содержание диссертации**

Диссертационная работа изложена на 150 страницах (без учета приложений, которые занимают страницы 151-204) и построена по плану классической экспериментальной работы, то есть включает разделы Введение, Обзор литературы, Материал и Методы, Результаты, Обсуждение, Заключение, Выводы и Список литературы. Диссертация четко структурирована и читается с большим интересом.

ОБЗОР ЛИТЕРАТУРЫ включает пять частей, которые касаются таких разделов, связанных с тематикой диссертации, как (1) распространение и экология видов *Mustelinae*, (2) генетическое разнообразие и охрана, (3) популяционная структура и демографическая история, (4) филогения и (5) кариотипическая эволюция в подсемействе *Mustelinae*. В каждой из этих частей есть два подраздела: один касается конкретно особенностей видов подсемейства *Mustelinae*, а второй – методов и методологий, с помощью которых эти особенности изучались. При этом, если

особенности видов описаны детально и конкретно, то описания методов даны схематично, что в общем-то неизбежно. В силу сложности и многочисленности этих методов для их детального изложения в диссертации не хватило бы места, поэтому они описаны в общих чертах, с упором в большей степени на принципы этих методов, чем на алгоритмы их применения.

Следующая глава описывает используемые в работе материалы и методы. Здесь следует отметить большое разнообразие примененных в исследовании методов и подходов, которые потребовались для проведения популяционных, демографических и филогенетических анализов, и, конечно же, для современных методов работы с геномными сборками хромосомного уровня, которые уже стали стандартом современной сравнительной геномики, позволяя детальное сравнение кариотипов и выявление хромосомных перестроек. Помимо современных и адекватных методов следует отметить большой объем и продуманность используемой выборки образцов, которые позволили решить все основные задачи исследования.

Глава РЕЗУЛЬТАТЫ включает семь подразделов, соответствующих основным частям и акцентам проведенного экспериментального исследования: (1) получение референсных сборок геномов, (2) выявление хромосомных перестроек методами сравнительной геномики, (3) получение геномных данных методом ресеквенирования для последующего популяционного анализа, (4) анализ на гетерозиготность, (5) молекулярный таксономический анализ видов *M. erminea* и *M. richardsonii*, (6) филогенетический анализ и (7) популяционно-демографический анализ.

Можно было бы ожидать, что в главе ОБСУЖДЕНИЕ появятся эти же семь подразделов, но их только пять, так как важные для получения результатов, но более технические по содержанию части, касающиеся сборки геномов и ресеквенирования, вошли в пять других более теоретических подразделов.

Короткое заключение (две страницы) и шесть выводов (одна страница) в значительной степени дублируют друг друга при том, что заключение написано в форме аннотации о том, что было сделано, а выводы в форме положений, констатирующих, что было получено.

ВЫВОДЫ работы сформулированы корректно и резюмируют проведенные исследования, полученные результаты и вытекающие из них заключения.

Автореферат построен по стандартной схеме, отлично оформлен, полностью отражает содержание диссертационной работы.

Следует отметить публикации по теме диссертации. Это четыре полноценных, больших по объему статьи, опубликованные в международных журналах *Genome Biology and Evolution*, *Journal of Heredity* и *Genes* и российском журнале *Экологическая генетика*, то есть в изданиях по геномике, генетике и эволюции, которые имеют высокую научную репутацию. В трех статьях Азамат Альбертович Тотиков является первым автором.

### Замечания

На наш взгляд в диссертации несколько смещены акценты (пропорции) между тем, что конкретно сделано, и тем, что обсуждается и дается в качестве главных выводов. Главное, что сделано – это получение геномных сборок и особенно геномных сборок хромосомного уровня. В то же время, главный акцент выводов делается на тех моментах, которые решаются и без хромосомных сборок. Так, наиболее интересный на наш взгляд вывод об анцестральном кариотипе и его эволюции занимает последнее место. В исследовании получена первая основанная на полногеномных данных и хорошо поддержанная практически во всех узлах филогения рода *Mustela*, которой можно верить. Однако этот результат несколько принижен в выводах фразой “Филогеномный анализ показал базальное положение редкого и малоизученного южноазиатского вида белополосой ласки (*M. strigidorsa*) в роде *Mustela*», которая, будучи правильной, только частично передает значение и новизну полученных результатов по изучению филогении.

Несколько запутанно сформулировано выносимое на защиту положение 2 (“Расхождение родов *Mustela* и *Neogale* в подсемействе *Mustelinae* произошло до диверсификации белополосой ласки (*M. strigidorsa*), что делает этот редкий южноазиатский вид базальным в роде *Mustela*”). Можно было сказать проще и яснее: показано, что вид *M. strigidorsa* входит в состав линии *Mustela*, а не линии *Neogale*, как предполагалось ранее, при этом *M. strigidorsa* является сестринской кладой по отношению ко всем остальным представителям *Mustela*.

Нисколько не отрицая вывод автора о важности включения обеих аллелей в гетерозиготных позициях при реконструкции филогенетических деревьев, поскольку использование гаплоидных сборок может существенно повлиять на размещение отдельных образцов в дереве (стр. 121), хотим отметить следующее. Если гетерозиготность является следствием неполной сортировки аллелей на стадии

коалесцентного процесса в популяции, то да, включение обоих гаплотипов может усилить мощность филогенетического анализа, который использует коалесцентную модель эволюции. Однако если гетерозиготность особи является следствием межвидовой гибридизации, то такая особь является химерой, положение которой вообще не может быть выявлено на классическом филогенетическом дереве, топология которого и модели, на которых основан анализ, исходят только из вертикальной передачи состояний признаков и не предполагают возможность горизонтальной передачи.

В выводе 3 есть небольшое внутреннее противоречие, так как термины филогеномный и филогенетический имеют отношение к числу используемых генов, а термин митохондриальный имеет отношение к типу используемых генов. Более конкретно, в выводе 3 сказано: “Топологические несоответствия между филогеномным и филогенетическим деревьями указывают на недостаточность использования митохондриальных данных для целей таксономического разграничения видов, особенно в такой группе как Mustelinae, для большинства видов которой характерна межвидовая гибридизация”. Есть два варианта это несоответствие устранить. (А) Можно сказать: топологические несоответствия между филогеномным (=много генов) и филогенетическим (мало генов) деревьями указывают на необходимость использования большого числа генов для получения значимых выводов. (Б) можно сказать: топологические несоответствия между ядерными и митохондриальными деревьями указывают на недостаточность использования одних только митохондриальных данных для целей таксономического разграничения видов. В контексте того, что конкретно имеется в диссертации, вариант Б кажется более подходящим.

Все вышеуказанные замечания носят частный характер. Они не умаляют научных достоинств работы А.А.Тотикова, не влияют на достоверность полученных результатов и сделанных выводов и не снижают общего, чрезвычайно положительного впечатления от работы.

### **Заключение**

Диссертация Тотикова Азамата Альбертовича “ГЕНЕТИЧЕСКОЕ РАЗНООБРАЗИЕ И ФИЛОГЕНИЯ РОДА *MUSTELA* (СЕМ. *MUSTELIDAE*)”, представленная на соискание ученой степени кандидата биологических наук по специальности 1.5.7. – Генетика (биологические науки), является самостоятельным

актуальным научным исследованием, обладающим высоким уровнем научной новизны и вносящим существенный вклад в развитие таких научных дисциплин как генетика, геномика, биоинформатика, эволюционная биология и зоология. Результаты исследования опубликованы в четырех статьях в ведущих рецензируемых научных журналах, в том числе в трех статьях, в которых А.А.Тотиков выступил в роли первого автора. Результаты апробированы и обсуждены на международных и российских конференциях. Все выводы хорошо обоснованы полученными данными.

Представленная работа по научной новизне, актуальности, теоретической значимости и другим параметрам полностью соответствует п.п. 9-14 "Положения о присуждении ученых степеней" (утверждено Постановлением Правительства РФ от 24 сентября 2013 г, № 842 с изменениями от 30 июля 2014 г., 21 апреля, 2 августа 2016 г., 29 мая. 28 августа 2017 г., 1 октября 2018 г., 20 марта, 11 сентября 2021 г.), а ее автор, Тотиков Азамат Альбертович, заслуживает присуждения степени кандидата биологических наук по специальности 1.5.7. – Генетика (биологические науки).

Диссертационная работа заслушана и одобрена на семинаре отделения карисистематики лаборатории систематики насекомых Зоологического института РАН 21 апреля 2026 г., протокол № 1.

Отзыв составил главный научный сотрудник Зоологического института РАН, доктор биологических наук Лухтанов Владимир Александрович.

Владимир Александрович Лухтанов,  
доктор биологических наук,  
главный научный сотрудник  
лаборатории систематики насекомых

Федерального государственного бюджетного учреждения науки  
Зоологический институт Российской академии наук  
199034, г. Санкт-Петербург, Университетская набережная 1  
Телефон: (812) 328-03-11

Адрес электронной почты: [Vladimir.Lukhtanov@zin.ru](mailto:Vladimir.Lukhtanov@zin.ru)

Веб - сайт: [https://www.zin.ru/staff/Lukhtanov\\_V.A.html](https://www.zin.ru/staff/Lukhtanov_V.A.html)

