

ЗАКЛЮЧЕНИЕ ДИССЕРТАЦИОННОГО СОВЕТА 24.1.239.01,
СОЗДАННОГО НА БАЗЕ ФЕДЕРАЛЬНОГО ГОСУДАРСТВЕННОГО
БЮДЖЕТНОГО НАУЧНОГО УЧРЕЖДЕНИЯ
«ФЕДЕРАЛЬНЫЙ ИССЛЕДОВАТЕЛЬСКИЙ ЦЕНТР ИНСТИТУТ
ЦИТОЛОГИИ И ГЕНЕТИКИ СИБИРСКОГО ОТДЕЛЕНИЯ
РОССИЙСКОЙ АКАДЕМИИ НАУК»,
ПО ДИССЕРТАЦИИ НА СОИСКАНИЕ УЧЕНОЙ СТЕПЕНИ
КАНДИДАТА БИОЛОГИЧЕСКИХ НАУК

аттестационное дело № _____
решение диссертационного совета от 17 июня 2026 г. №16
О присуждении Тотикову Азамату Альбертовичу
(гражданину РФ)
ученой степени кандидата биологических наук.

Диссертация Тотикова А. А. «Генетическое разнообразие и филогения рода *Mustela* (сем. Mustelidae)», по специальности 1.5.7 Генетика, принята к защите 8 апреля 2026 года, протокол №10, Диссертационным советом 24.1.239.01 (Д 003.011.01), созданным на базе Федерального государственного бюджетного научного учреждения «Федеральный исследовательский центр Институт цитологии и генетики Сибирского отделения Российской академии наук» (ИЦиГ СО РАН), (630090, Новосибирск, пр. акад. Лаврентьева, 10). Диссертационный совет 24.1.239.01 (Д 003.011.01) утвержден ВАК 15.01.2010 г., приказ ВАК № 1-7 и переутвержден Министерством образования и науки РФ 11.04.2012 г., приказ № 105/нк.

Соискатель: Тотиков Азамат Альбертович, 27 января 1998 года рождения. В 2019 году окончил факультет химии, биологии и биотехнологии

Северо-Осетинского государственного университета им. К. Л. Хетагурова с присуждением квалификации бакалавра по направлению подготовки «06.03.01 – Биология», направленность – Биоэкология. В 2021 году окончил биологический факультет Санкт-Петербургского государственного университета с присуждением степени магистра по направлению подготовки «06.04.01 – Биология», программа – Биоинформатика. В 2025 году окончил очную аспирантуру факультета естественных наук Новосибирского государственного университета с присвоением квалификации «Исследователь. Преподаватель-исследователь» по направлению подготовки «06.06.01 – Биологические науки», направленность – Генетика. В настоящее время работает младшим научным сотрудником в Лаборатории разнообразия и эволюции геномов в Федеральном государственном бюджетном учреждении науки «Институт молекулярной и клеточной биологии Сибирского отделения Российской академии наук» (ИМКБ СО РАН), (630090, Новосибирск, пр. акад. Лаврентьева, 8/2).

Диссертация выполнена в Лаборатории разнообразия и эволюции геномов ИМКБ СО РАН и на кафедре цитологии и генетики факультета естественных наук Федерального государственного автономного образовательного учреждения высшего образования «Новосибирский национальный исследовательский государственный университет».

Научный руководитель – доктор биологических наук, член-корреспондент РАН, профессор Графодатский Александр Сергеевич, главный научный сотрудник Лаборатории разнообразия и эволюции геномов ИМКБ СО РАН.

Официальные оппоненты:

1. **Родионов Александр Викентьевич**, доктор биологических наук, профессор, заведующий лабораторией биосистематики и цитологии ФГБУН Ботанического института им. В. Л. Комарова РАН, г. Санкт-Петербург.

2. **Нуриддинов Мирослав Абдурахимович**, кандидат биологических наук, младший научный сотрудник лаборатории геномных технологий для медицинской генетики Института цитологии и генетики СО РАН, г. Новосибирск.

Оппоненты дали положительные отзывы на диссертацию.

Ведущая организация: Федеральное государственное бюджетное учреждение науки Зоологический институт РАН, г. Санкт-Петербург в своем положительном отзыве, составленном доктором биологических наук Лухтановым Владимиром Александровичем, главным научным сотрудником лаборатории систематики насекомых Федерального государственного бюджетного учреждения науки «Зоологический институт Российской академии наук» (ЗИН РАН), и утвержденном директором института – заведующим лабораторией орнитологии ЗИН РАН д.б.н., член-корр. РАН Чернецовым Н.С., указала, что «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 ученой степени кандидата биологических наук по специальности 1.5.7 - Генетика (биологические науки).

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

Соискатель имеет всего 17 опубликованных работ, из них 7 по теме диссертации, общим объемом 80 страниц, из них 4 статьи в рецензируемых научных изданиях (Scopus, Web of Science и/или РИНЦ) и 3 тезиса в материалах всероссийских и международных конференций. В 3 из 4 статьях личный вклад автора был определяющий. В диссертации отсутствуют

недостовверные сведения об опубликованных соискателем работах.

Публикации по теме диссертации:

1. **Totikov, A.A.**, Tomarovsky, A.A., Perelman, P.L., Bulyonkova, T.M., Serdyukova, N.A., Yakupova A.R., Mohr, D., Foerster, D.W., Grau Jipoulou, J.H., Beklemisheva, V.R., Sidorov, M., Miranda, I., Farelo, L., Abramov A.V., Krashennnikova, K., Mukhacheva, A.S., Panov, V.V., Balanovska, E., Cherkasov, N., Zub, K., Scott, A.F., Melo-Ferreira, J., Okhlopkov, I.M., Zhuk, A., Koepfli, K.-P., Graphodatsky, A.S., Kliver, S. Comparative genomics and phylogenomics of the Mustelinae lineage (Mustelidae, Carnivora). *Genome Biology and Evolution*, 2026. <https://doi.org/10.1093/gbe/evag014>, **Q1, IF=3.3, Scopus, WoS, RSCI**.
2. Kliver, S., Houck, M.L., Perelman, P.L., **Totikov, A.A.**, Tomarovsky, A., Dudchenko, O., Omer, A.D., Colaric, Z., Weisz, D., Aiden, E.L., Chan, S., Hastie, A., Komissarov, A., Ryder, O.A., Graphodatsky, A.S., Johnson, W.E., Maldonado, J.E., Pukazhenth, B.S., Marinari, P.E., Wildt, D.E., Koepfli, K.-P. Chromosome-length genome assembly and karyotype of the endangered black-footed ferret (*Mustela nigripes*). *Journal of Heredity*, 2023; esad035, <https://doi.org/10.1093/jhered/esad035>, **Q1, IF=2.5, Scopus, WoS, RSCI**.
3. **Тотиков, А.А.**, Томаровский, А.А., Якупова, А.Р., Графодатский, А.С., Кливер, С. Обзор методов реконструкции демографической истории популяций в природоохранной биологии. *Экологическая генетика*, 2023. Vol. 21. N. 1. P. 85-102. <https://doi.org/10.17816/ecogen120078>, **Q4, IF=0.2, Scopus, RSCI**.
4. **Totikov, A.A.**, Tomarovsky, A., Prokopov, D., Yakupova, A., Bulyonkova, T., Derezanin, L., Rasskazov, D., Wolfsberger, W.W., Koepfli, K.-P., Oleksyk, T.K., Kliver, S. Chromosome-Level Genome Assemblies Expand Capabilities of Genomics for Conservation Biology. *Genes*, 2021, 12(9), 1336. <https://doi.org/10.3390/genes12091336>, **Q2, IF=2.8, Scopus, WoS, RSCI**.

На диссертацию и автореферат поступило 8 отзывов, все положительные.

Отзывы прислали:

1. Абрамов Алексей Владимирович – д.б.н., главный научный сотрудник лаборатории териологии, Зоологического института РАН, г. Санкт-Петербург;
2. Дроздова Полина Борисовна – к.б.н., ведущий научный сотрудник НИИ биологии озера Байкал ФГБОУ ВО «Иркутский государственный университет», г. Иркутск. *«В качестве маленького замечания хочется предложить расшифровать тривиальные названия изученных видов и/или добавить изображения (например, к рис. 4). Возможно, это упростило бы понимание для заинтересованных специалистов, занимающихся другими таксономическими группами. Также к работе есть уточняющий вопрос. Кажется, изученные виды сильно различаются по характеру окраски и рисунку шерсти. Не проводил ли автор или не планирует анализ этого признака по имеющимся полногеномным данным?»*;
3. Литвинов Юрий Нарциссович – д.б.н., главный научный сотрудник лаборатории экологии сообществ позвоночных животных Института систематики и экологии животных СО РАН, г. Новосибирск. *“Хотелось бы видеть названия видов также и на русском языке. Отмечены незначительные пометки, ошибки и пропуски букв в словах, не влияющие на общий смысл и научное значение автореферата”*;
4. Моролдоев Игорь Викторович – к.б.н., заведующий лабораторией экологии сообществ позвоночных животных Института систематики и экологии животных СО РАН, г. Новосибирск. *«На с. 6. автореферата указано, что при демографическом моделировании методом PSMC для малых видов время генерации принималось равным 3 годам, а для средних — 4 годам. Во-первых, так как классификация куньих по размеру не является общепринятой, то следовало бы уточнить, какие виды куньих относятся в рамках исследования к «малым», а какие - к*

«средним». Во-вторых, учитывая колоссальные временные рамки анализа (до 1-2 млн лет назад), насколько стабильными во времени можно считать данные экологические параметры, и как их гипотетическое вековое колебание могло повлиять на траектории эффективной численности популяции (N_e)? Отдельные узлы филогенетических деревьев демонстрируют сниженную поддержку, что автор справедливо связывает с неполной сортировкой линий и возможной древней гибридизацией; это предполагает необходимость дополнительных анализов в будущем. По тексту автореферата при описании хромосомных перестроек автор использует термины «хорькообразные» и «ласкообразные» - снова замечание к использованию не общепринятого зоологического термина, и следовало бы или пояснить термин, или использовать классическую систематику этого подсемейства»;

5. Новиков Евгений Анатольевич – д.б.н., заведующий лабораторией структуры и динамики популяций животных Института систематики и экологии животных СО РАН, г. Новосибирск;
6. Перельман Полина Львовна – к.б.н., ведущий научный сотрудник лаборатории разнообразия и эволюции геномов Института молекулярной и клеточной биологии СО РАН, г. Новосибирск;
7. Протопопов Альберт Васильевич – д.б.н., руководитель отдела изучения мамонтовой фауны Академии наук Республики Саха (Якутия), г. Якутск;
8. Жук Анна Сергеевна – к.б.н., старший научный сотрудник лаборатории мутагенеза и генетической токсикологии, Санкт-Петербургский филиал Института общей генетики им. Н. И. Вавилова РАН, г. Санкт-Петербург.

Выбор официальных оппонентов и ведущей организации обосновывается тем, что оба оппонента являются компетентными специалистами в области сравнительной, популяционной и эволюционной геномики, имеют публикации в ведущих биологических журналах и дали свое письменное

согласие выступить в качестве оппонентов. Ведущая организация является одним из ведущих мировых учреждений в области геномных исследований млекопитающих, что позволяет произвести экспертную оценку полученных в диссертационной работе результатов.

Диссертационный совет отмечает, что на основании выполненных соискателем исследований доказано, что такие параметры генома как низкий уровень гетерозиготности и наличие протяженных участков гомозиготности, обнаруженные у степного (*Mustela eversmanii*) и лесного (*M. putorius*) хорьков, являются признаками генетического неблагополучия вида и риска развития инбредной депрессии, что подтверждается наблюдаемым сокращением численности их популяций.

Высказана и доказана оригинальная гипотеза, что современное кариотипическое разнообразие подсемейства Mustelinae и рода *Mustela* сформировалось на основе предковых кариотипов $2n=42$ и $2n=44$, соответственно, в результате трех ключевых разделений хромосом – два произошли на ранних этапах диверсификации Mustelinae, а третье после обособления рода *Mustela* от рода *Neogale*, но до диверсификации всех современных видов рода *Mustela*.

Теоретическая значимость исследования обоснована тем, что впервые на полногеномном уровне проведен комплексный филогенетический анализ подсемейства Mustelinae с использованием двух независимых методологических подходов – конкатенированного и коалесцентного на матрице 6596 однокопийных ортологичных генов, что позволило оценить уровень генетического разнообразия видов рода *Mustela* и провести реконструкцию филогенетических взаимоотношений у представителей этого рода.

Установлено, что базальное положение в роде *Mustela* по отношению ко всем остальным его представителям занимает белополосая ласка (*M. strigidorsa*), редкий южноазиатский вид, включение которого в анализ

позволило уточнить полярность хромосомных событий и датировать три последних разделения хромосом относительно ветвей дерева в подсемействе Mustelinae.

Установлено, что геном чернолапого хорька (*M. nigripes*) является одним из наиболее гомозиготных среди всех представителей отряда Carnivora, в котором до 92% от общей длины участков гомозиготности приходится на ультрадлинные (≥ 10 млн.п.н.), что говорит о наличии эффекта основателя; у лесного хорька (*M. putorius*) число ультрадлинных участков гомозиготности в островных популяциях существенно превышает таковое в континентальных, что свидетельствует о нарастающей фрагментации и изоляции локальных островных популяций вида.

Впервые показано, что «хорькообразных» (*M. lutreola*, *M. putorius furo*, *M. nigripes*) и «ласкообразных» (*M. strigidorsa*, *M. erminea*, *M. nivalis*) представителей рода *Mustela* можно различить на основе синтенного анализа хромосомных сборок видов по группам видоспецифичных парацентрических инверсий длиной менее 10 млн.п.н., выявление которых методом Zoo-FISH или классическим дифференциальным окрашиванием хромосом невозможно.

Значение полученных соискателем результатов исследования для практики подтверждается тем, что определены параметры генетического неблагополучия видов подсемейства Mustelinae, включающие низкий уровень гетерозиготности генома, протяженные участки гомозиготности и следы демографических «бутылочных горлышек», наличие которых у вида является аргументированным основанием для пересмотра его охранного статуса и инициирования мониторинговых программ.

Доказано, что межвидовая гибридизация, широко распространенная в подсемействе Mustelinae, принципиально ограничивает таксономическую и филогенетическую информативность митохондриальных маркеров, что следует учитывать при работе с данными таксонами.

Результаты диссертационной работы представляют интерес для научно-исследовательских организаций биологического профиля, занимающихся

сравнительной и эволюционной геномикой, популяционной генетикой, филогенетикой и систематикой млекопитающих, для организаций, осуществляющих генетический мониторинг и охрану природных популяций кунных, а также в образовательном процессе при подготовке специалистов в области генетики, эволюционной биологии, зоологии и экологии в высших учебных заведениях, а также при разработке учебных курсов по геномике и охране биоразнообразия.

Все полученные данные секвенирования размещены в открытом доступе в базе данных NCBI (PRJNA1146985) и могут служить основой для дальнейших исследований в области сравнительной геномики хищных млекопитающих.

Применительно к проблематике диссертации результативно использован подход интегративной геномики, объединяющий получение хромосомных сборок, полногеномное ресеквенирование и анализ митохондриальных геномов, что позволило применить к одной таксономической группе взаимодополняющие инструменты. Сочетание перечисленных подходов в рамках единого исследования обеспечило взаимную верификацию результатов на нескольких независимых уровнях анализа.

Оценка достоверности результатов исследования выявила, что выводы работы опираются на репрезентативную доказательную базу: 9 сборок ядерных геномов, 50 образцов полногеномного ресеквенирования и 149 полных митохондриальных геномов. Показана высокая степень конкордантности топологий между независимыми методами анализа (конкатенированный и коалесцентный подходы), а также между ядерными и митохондриальными деревьями для большинства видов, что подтверждает надежность полученных результатов. Устойчивость выводов дополнительно обеспечена строгим контролем качества входных данных, выявлением и исключением гибридных образцов из филогенетического анализа, а также

бутстреп-валидацией с числом репликатов не менее 100 для демографических реконструкций.

Личный вклад автора заключается в постановке целей и задач исследования, формировании концепции и дизайна работы и независимом выполнении всех этапов биоинформатического анализа: от контроля качества первичных данных секвенирования до реконструкции хромосомных перестроек и построения филогеномных деревьев, а также в интерпретации результатов и подготовке публикаций. Ряд этапов работы, включая выделение ДНК, создание клеточных культур и подготовку библиотек для секвенирования, выполнены сотрудниками ИМКБ СО РАН; создание сборок геномов исследуемых видов и получение синтетических блоков выполнены при участии к.б.н. С. Ф. Кливера, к.б.н. П. Л. Перельман и Dr. J. H. Grau Jiroulou.

Полученные соискателем научные результаты соответствуют п. 2 «Геномы, их структура и функция», п. 7 «Структурная и функциональная геномика. Эволюционная геномика», п. 20 «Популяционная генетика. Генетическая структура популяций. Симбиогенетика», п. 21 «Естественный и искусственный отбор, видообразование, генетические механизмы эволюции. Экологическая генетика. Поддержание генетического биоразнообразия и биобанки» паспорта научной специальности 1.5.7 – Генетика (биологические науки). Диссертационным советом сделан вывод о том, что диссертация представляет собой законченную научно-квалификационную работу, соответствует критериям п.п. 9-14 «Положения о присуждении ученых степеней», утвержденного постановлением Правительства Российской Федерации от 24 сентября 2013 г. № 842 (в текущей редакции).

В ходе защиты диссертации критических замечаний высказано не было. Соискатель Тотиков А.А. аргументированно ответил на все задаваемые ему в ходе заседания вопросы.

На заседании 17 июня 2026 г. диссертационный совет принял решение присудить Тотикову Азамату Альбертовичу ученую степень кандидата биологических наук по специальности 1.5.7 - Генетика (биологические науки)

за решение научной задачи, связанной с изучением генетического разнообразия представителей рода *Mustela* на основе полногеномных данных, анализа их филогенетических взаимоотношений и хромосомной эволюции.

При проведении тайного голосования диссертационный совет в количестве 16 человек, из них 5 докторов наук по специальности 1.5.7. – Генетика, участвовавших в заседании, из 24 человек, входящих в состав совета, проголосовали: за – 16, против – нет, недействительных бюллетеней – нет.

Зам. председателя
диссертационного совета,
доктор биологических наук



Н. Б. Рубцов

Ученый секретарь
диссертационного совета,
доктор биологических наук

Т. М. Хлебодарова

17.06.2026 г.