

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 17.06.2026 г. № 17

О присуждении Томаровскому Андрею

Александровичу (гражданину РФ)

ученой степени кандидата биологических наук.

Диссертация Томаровского А. А. «Последствия межвидовой гибридизации и филогенетические отношения в роде *Martes* (сем. Mustelidae)», по специальности 1.5.7 – Генетика, принята к защите 8 апреля 2026 года, протокол №9, 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: Томаровский Андрей Александрович, 22 февраля 1998 года рождения. В 2019 году окончил Белгородский государственный национальный исследовательский университет с присуждением

квалификации бакалавра по направлению подготовки «19.03.01 Биотехнология». В 2021 году успешно 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. **Лухтанов Владимир Александрович**, доктор биологических наук, доцент, главный научный сотрудник Отделения кариосистематики Лаборатории систематики насекомых Зоологического института 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 образовательное учреждение высшего образования “Московский государственный университет имени М. В. Ломоносова”, г. Москва в своём положительном отзыве, подписанным зав. Кафедрой зоологии позвоночных, д.б.н. профессором Л.П. Корзуном, ученым секретарем кафедры зоологии позвоночных, к.б.н., доцентом Е.М. Литвиновой, деканом биологического факультета МГУ им. М.В. Ломоносова, Академиком РАН М.П. Кирпичниковым и утвержденном проректором – начальником управления научной политики МГУ д. ф.-м. н., профессором, профессором РАН Федяниным А.А., указала, что «содержание диссертации «Последствия межвидовой гибридизации и филогенетические отношения в роде *Martes* (сем. *Mustelidae*)» соответствует паспорту специальности 1.5.7 – генетика (биологические науки), а также критериям, определенным п.п. 9-14 «Положения о присуждении ученых степеней» (утверждено Постановлением Правительства РФ от 24.09.2013 г. № 842 (в текущей редакции), предъявляемым к кандидатским диссертациям. Таким образом, соискатель Томаровский А.А. заслуживает присуждения ученой степени кандидата биологических наук по специальности 1.5.7 – Генетика».

Отзыв обсужден и одобрен на заседании кафедры зоологии позвоночных биологического факультета МГУ имени М.В.Ломоносова 29 апреля 2026 г. (протокол №6)».

Соискатель имеет всего 17 опубликованных работ, из них 8 по теме диссертации, общим объемом 88 страниц, из них 5 статей в рецензируемых научных изданиях (Scopus, Web of Science и/или РИНЦ) и 3 тезиса в материалах всероссийских и международных конференций. В 4 из 5 статьях личный вклад автора был определяющий. В диссертации отсутствуют

недостовверные сведения об опубликованных соискателем работах.

Публикации по теме диссертации:

1. **Tomarovsky, A.A.**, Totikov, A.A., Bulyonkova, T.M., Perelman, P.L., Abramov, A.V., Serdyukova, N.A., Yakupova, A.R., Prokopov, D., Beklemisheva, V.R., Sinding, M.-H., Davletshina, G., Pobedintseva, M., Krashenninnikova, K., Foerster, D., Mukhacheva, A.S., Mironova, A., Sidorov, M., Nie, W., Wang, J., Romanenko, S.A., Proskurykova, A., Ferguson-Smith, M., Yang, F., Cherkasov, N., Balanovska, E., Gilbert, T.P., Okhlopov, I.M., Zhuk, A., Graphodatsky, A.S., Powell, R., Koepfli, K.-P., Kliver, S. Genomics of sable (*Martes zibellina*) × pine marten (*Martes martes*) hybridization. *Genome Biology and Evolution*, 2026. <https://doi.org/10.1093/gbe/evag018>, **Q1, IF=3.3, Scopus, WoS, RSCI.**
2. **Tomarovsky, A.A.**, Khan, R., Dudchenko, O., Beklemisheva, V.R., Perelman, P.L., Totikov, A.A., Serdyukova, N.A., Bulyonkova, T.M., Pobedintseva, M., Abramov, A.V., Weisz, D., Yakupova, A., Zhuk, A., Graphodatsky, A.S., Powell, R., Aiden, E., Koepfli, K.-P., Kliver, S. Novel Chromosome-Length Genome Assemblies of Three Distinct Subspecies of Pine Marten, Sable, and Yellow-Throated Marten (Genus *Martes*, Family Mustelidae). *Journal of Heredity*, 2025; esaf101. <https://doi.org/10.1093/jhered/esaf101>, **Q1, IF=2.5, Scopus, WoS, RSCI.**
3. **Tomarovsky, A.A.**, Khan, R., Dudchenko, O., Totikov, A.A., Serdyukova, N.A., Weisz, D., Vorobieva, N.V., Bulyonkova, T., Abramov, A.V., Nie, W., Wang, J., Romanenko, S.A., Proskuryakova, A.A., Cherkasov, N., Ferguson-Smith, M.A., Yang, F., Balanovskaya, E., Gilbert, M.T.P., Graphodatsky, A.S., Aiden, E.L., Powell, R., Koepfli, K.-P., Perelman, P.L., Kliver, S. Chromosome length genome assembly of the stone marten (*Martes foina*, Mustelidae): a new view on one of the cornerstones in carnivore cytogenetics. *Journal of Heredity*, 2025; esaf001. <https://doi.org/10.1093/jhered/esaf001>, **Q1, IF=2.5, Scopus, WoS, RSCI.**

4. **Tomarovsky, A.**, Totikov, A.A., Yakupova, A.R., Graphodatsky, A.S., Kliver, S. Review of heterozygosity visualization approaches in the context of conservation research. *Ecological genetics*, 2023. Vol. 21. N. 4. P. 383-400, (ru). <https://doi.org/10.17816/ecogen609552>, **Q4, IF=0.2, Scopus, RSCI.**
5. Derežanin, L., Blažytė, A., Dobrynin, P., Duchêne, D.A., Grau, J.H., Jeon, S., Kliver, S., Koepfli, K.-P., Meneghini, D., Preick, M., **Tomarovsky, A.**, Totikov, A.A., Fickel, J., Förster, D.W. Multiple types of genomic variation contribute to adaptive traits in the mustelid subfamily Guloninae. *Molecular Ecology*, 2022, 31, 2898-2919. <https://doi.org/10.1111/mec.16443>, **Q1, IF=3.9, Scopus, WoS, RSCI.**

На диссертацию и автореферат поступило 8 отзывов, все положительные. Отзывы прислали:

1. Абрамов А.В. – д.б.н., главный научный сотрудник лаборатории териологии, Зоологического института Российской академии наук, г. Санкт-Петербург. *«На стр.15 автор использует для харзы название «Ch. (M.) flavigula», что не вполне верно – указанное в скобках название подрода не может быть M. (т.е., Martes), поскольку относится к другому роду, Martes. Правильным названием будет «Ch. (Ch.) flavigula» (и, соответственно, Ch. (Ch.) aterrima).»;*
2. Дроздова П.Б. – к.б.н., ведущий научный сотрудник НИИ биологии озера Байкал ФГБОУ ВО «Иркутский государственный университет», г. Иркутск. *«Автор пишет о сходстве размера полученных сборок генома с оценкой на основе анализа k-меров, что действительно свидетельствует о качестве сборки, однако интересно было бы узнать, есть ли для этих видов оценки размера генома с помощью цитогенетических методов и совпадают ли они с размерами сборок.»;*
3. Литвинов Ю.Н. – д.б.н., главный научный сотрудник лаборатории экологии и сообществ позвоночных животных Института систематики и

экологии животных СО РАН, г. Новосибирск.

4. Моролдоев И.В. – к.б.н., заведующий лабораторией экологии сообществ позвоночных животных Института систематики и экологии животных СО РАН, г. Новосибирск. *«Во-первых, объем выборки для некоторых популяций (особенно харзы и отдельных регионов) относительно невелик, что отмечено самим автором и требует дальнейшего расширения в последующих исследованиях. Во-вторых, при анализе исторической Динамики эффективной численности популяций (N_e) с помощью метода PSMC автор использовал фиксированное время генерации в 5 лет. Желательно было бы пояснить, проводился ли анализ чувствительности модели к колебаниям этого параметра, учитывая возможные различия в репродуктивной биологии евразийских и североамериканских видов рода *Martes* в разные климатические эпохи.»*
5. Новиков Е.А. – д.б.н., заведующий лабораторией структуры и динамики популяций животных Института систематики и экологии животных СО РАН, г. Новосибирск;
6. Перельман П.Л. – к.б.н., ведущий научный сотрудник лаборатории разнообразия и эволюции геномов Института молекулярной и клеточной биологии СО РАН, г. Новосибирск;
7. Протопопов А.В. – д.б.н., руководитель отдела изучения мамонтовой фауны Академии наук Республики Саха (Якутия);
8. Жук А.С. – к.б.н., старший научный сотрудник лаборатории мутагенеза и генетической токсикологии, Санкт-Петербургский филиал Института общей генетики им. Н. И. Вавилова Российской академии наук, 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 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 в зоне симпатрии соболя (*Martes zibellina*) и лесной куницы (*M. martes*) на Северном Урале и в Западной Сибири активная межвидовая гибридизация сопровождается двунаправленным потоком генов между видами и появлением у гибридных особей мозаичных рекомбинантных хромосом как следствие кроссинговера, не подавленного в геномах гибридов.

Установлено, что между ядерными геномами особей соболя и лесной куницы наблюдаются взаимные интрогрессии и в районах, удаленных от общепринятой зоны симпатрии, что свидетельствует о необходимости пересмотра границ их ареалов и, возможно, расширения зоны симпатрии.

Теоретическая значимость исследования обоснована тем, что впервые с использованием данных полногеномного секвенирования и полученных на их основе сборок геномов хромосомного уровня для четырёх видов рода *Martes* – соболя (*M. zibellina*), лесной куницы (*M. martes*), каменной куницы (*M. foina*) и харзы (*M. flavigula*) проведен комплексный анализ генетического разнообразия, что позволило прояснить популяционную историю видов, выявить особенности гибридных геномов, а также уточнить положение харзы в филогении рода *Martes*.

Доказано, что уровни генетического разнообразия геномов соболя и лесной куницы существенно различаются – у соболя наблюдается относительно высокий уровень гетерозиготности (~1.7 SNP/тыс.п.н.), а у лесной куницы – низкий (~0.7 SNP/ тыс.п.н.), что, вероятно, связано с различной популяционной историей видов и успешностью масштабной реинтродукции соболя в середине XX века.

Доказано, что различные уровни гетерозиготности в геномах соболя и

лесной куницы в условиях активной гибридизации приводят к формированию у гибридных особей (*M. zibellina* x *M. martes*) мультимодального распределения гетерозиготности.

Показано, что генетические расстояния между ядерными геномами дальневосточной и южно-китайской харзы сопоставимы с межвидовыми различиями, что позволяет выделить их из рода *Martes* в отдельный самостоятельный род *Charronia* с не менее чем тремя видами – *Ch. aterrima*, *Ch. flavigula* и *Ch. gwatkinsii*.

Значение полученных соискателем результатов исследования для практики подтверждается тем, что разработан и реализован высокопроизводительный программный конвейер для реконструкции филогении по полногеномным данным с использованием метода конкатенации и обобщённо-коалесцентного подхода.

Предложен тест на гибридное происхождение образца при ограниченном числе чистых видов на основе разработанной концепции анализа компонент распределения гетерозиготности. **Выявлено**, что традиционные подходы (STR-маркеры и единичные молекулярные маркеры) малопригодны к определению видовой принадлежности и доли интрогрессии в гибридном комплексе соболя и лесной куницы, что необходимо учитывать при планировании природоохранных мероприятий.

Выделение дальневосточной харзы в качестве самостоятельного вида (*Charronia aterrima*) существенно влияет на оценку территории её распространения по сравнению с существующей оценкой ареала для *M. flavigula*, что указывает на необходимость пересмотра действующих программ охраны и мониторинга численности этого вида на территории России.

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 популяционной и эволюционной генетики.

Полученные геномные сборки хромосомного уровня четырёх видов рода *Martes* опубликованы в открытом доступе в международной базе данных NCBI (PRJNA1102534) и могут служить основой для дальнейших исследований в области сравнительной геномики, а подготовленные методические наработки могут быть использованы другими исследователями.

Применительно к проблематике диссертации результативно использован комплекс современных биоинформатических методов, включающий получение геномных сборок хромосомного уровня на основе баркодированных прочтений и технологии Hi-C, оценку полноты и качества сборок, аннотацию геномов с привлечением данных РНК-секвенирования, полногеномные выравнивания и анализ синтении, поиск генетических вариантов и протяжённых участков гомозиготности, сравнительный анализ гетерозиготности и анализ компонент её распределения, глобальный и локальный анализ ADMIXTURE, реконструкцию филогении по ядерным и митохондриальным последовательностям с применением метода конкатенации и обобщённо-коалесцентного подхода, а также реконструкцию популяционной истории. Перечисленные методы позволили получить новые данные о генетическом разнообразии и филогении видов рода *Martes*.

Оценка достоверности результатов исследования выявила их высокую надёжность, которая обеспечивается применением современных взаимодополняющих методов анализа и значительным объёмом проанализированного материала – данными полногеномного секвенирования с высоким покрытием для более чем 30 образцов. Результаты работы статистически обработаны, достоверны и могут быть использованы другими исследователями.

Личный вклад автора состоит в непосредственном участии в

планировании и дизайне исследования, выполнении и автоматизации всех этапов биоинформатического анализа, визуализации и интерпретации полученных результатов, а также в подготовке публикаций.

Ряд этапов работы, включая выделение ДНК, создание клеточных культур и подготовка библиотек для секвенирования, выполнены к.б.н. В.Р. Беклемишевой, к.б.н. П.Л. Перельман, к.б.н. М.А. Побединцевой и Н.А. Сердюковой (ИМКБ СО РАН, Новосибирск).

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», утверждённого постановлением Правительства Российской Федерации от 24 сентября 2013 г. № 842 (в текущей редакции).

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

На заседании 17 июня 2026 г. диссертационный совет принял решение присудить Томаровскому Андрею Александровичу ученую степень кандидата биологических наук по специальности 1.5.7 – Генетика (биологические науки) за решение научной задачи, связанной с изучением генетических последствий межвидовой гибридизации соболя и лесной куницы и уточнением филогенетических отношений в роде *Martes*.

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.

Председатель
диссертационного совета,
Академик РАН



Handwritten signature of A.V. Kochetov

А.В. Кочетов

Ученый секретарь
диссертационного совета,
доктор биологических наук

Handwritten signature of T.M. Khlebodarova

Т.М. Хлебодарова

17.06.2026 г.