

ОТЗЫВ

официального оппонента на диссертационную работу

Гандлина Александра Александровича

«Эволюция усачей рода *Barbus* Кавказа и сопредельных регионов»,

представленную на соискание учёной степени кандидата биологических

наук по специальности 1.5.12 – зоология

Диссертационная работа А. А. Гандлина посвящена вопросам изучения эволюции, филогении и построению естественной системы усачей рода *Barbus* s. str. на Кавказе и прилежащих территориях, где, несмотря на все усилия предыдущих поколений исследователей, проблема далека от решения. Профиль этой комплексной по методологии и содержанию диссертации, несмотря на применение молекулярно-генетических методов, соответствует специальности «зоология», что видно в первую очередь и поставленной цели изучить эволюционную историю группы и решаемых задач исследования (анализ филогении, проверка гипотез о спонтанной гибридизации и вторичных контактах, уточнение древних путей миграции и современного распространения усачей в изучаемом регионе).

Актуальность темы несомненна в фундаментальном плане, поскольку исследование позволит расширить существующие представления об эволюции и таксономии гидробионтов на примере усачей р. *Barbus*. Уникальность исследования базируется на комплексном подходе, включающем анализ биоразнообразия усачей в ранее слабо изученном регионе с помощью нескольких классов молекулярно-генетических маркеров и комплекса морфометрических (пластических и меристических признаков), включая многомерные методы анализа.

Значительное число сиквенсов митохондриальных фрагментов усачей Кавказа и прилегающих регионов (всего 173 локальности) получено впервые. Впервые подробно изучена филогения усачей Кавказа, проанализирован состав клад и субклад, выявляемых по мтДНК, продемонстрирована полифилия кавказских усачей, доказан факт естественной гибридизации двух видов в

притоках Кубани. Всё это обуславливает новизну работы, а использование в ней репрезентативного материала по Кавказу и сопредельным регионам и предложенные автором реконструкции эволюционных сценариев эволюции таксонов и внутривидовых линий усачей являются приоритетными.

Нужно отметить, что диссертационная работа построена по не вполне традиционному плану, это касается обзора литературы, который не представлен в консолидированном виде, а содержится в виде отдельных элементов в расширенном Введении, Главе 1 «Физико-географическая характеристика Кавказа и Крыма» и в главах с результатами. В диссертации также есть традиционный раздел «Материалы и методы» (Глава 2), главы 3-6 с результатами и обсуждением (каждая со своим отдельным Заключением), Выводы, Список использованной литературы и два Приложения. Общее число страниц диссертации 191, из которых 139 составляет основной текст, остальное – список литературы из 227 источников (из них 153 иностранных языках) и Приложения. Работа содержит 36 рисунков и 11 таблиц, размещённых в основном тексте. Две таблицы Приложения представляют собой список локальностей, откуда происходили исследованные образцы рыб, и последовательности фрагментов ДНК, взятые из GenBank для сравнения.

Во Введении автор подчеркивает актуальность исследования, которая не вызывает сомнений в контексте проводимых в мире исследований усачей как сложной в таксономическом отношении группы, многие ветви которой характеризуются взрывной эволюцией. Высокая скорость видообразования приводит к формированию «пучков видов», выяснить эволюционные взаимоотношения между которыми и внутри них можно только прибегая к молекулярным методам. Оценивая степень разработанности темы, автор подчёркивает примеры уничтожения локального биоразнообразия усачей-барбусов (в широком смысле, включая *Barbodes*, *Parapuntius*, *Labeobarbus* и другие тропические группы, родственные *Barbus*) ещё до начала применения генетических подходов. Многочисленные примеры адаптивной радиации усачей в озёрных экосистемах дополняются появляющимися сведениями о таком же

процессе в ряде речных систем Африки и Азии. При этом очевидно, что среди видов р. *Barbus* s. str. именно усачи Кавказа и Крыма (валидными признаются шесть видов) оказались наименее изученными, несмотря на то что род в целом является наиболее исследованным среди усачей Европы и запада Азии. Видно также, что систематика усачей Кавказа является неустоявшейся, недавние выделения бывших подвидов в виды требуют проверки независимыми методами, в первую очередь генетическими. Вследствие того, что Кавказ является горной системой со сложной историей, его орография и водная сеть активно видоизменялись в кайнозое, всё это отразилось на эволюции рыб, в том числе усачей, привело к множественным явлениям фрагментации ареалов, изоляции и возобновлению связей между популяциями различных водоёмов, к вторичным контактам и т.п. Кавказ, рассматриваемый как «горячая точка» видообразования пресноводной ихтиофауны это несомненный факт, вносящий вклад в актуальность и теоретическую значимость работы А.А. Гандлина. Не менее важно и отмечаемое автором интенсивное влияние человека на экосистемы Кавказа из-за давней и плотной населенности региона и относительно слабого развития природоохранного мышления и природосберегающих технологий.

Таким образом, автор достаточно чётко формулирует и обосновывает поставленные цель и задачи, описывает научную новизну работы, её теоретическую и научно-практическую значимость. Приводятся положения, выносимые на защиту. Автор декларирует степень своего личного участия в различных аспектах работы, которую следует оценить как высокую. Далее перечислены конференции, где представлены результаты работы, нужно отметить, что апробация проводилась на видных отечественных и международных научных форумах, включая два Европейских ихтиологических конгресса (2015 и 2019 гг.). Приводится статистика опубликованных работ по теме диссертации (три статьи в рецензируемых журналах, индексируемых в базе Web of Science (список ВАК) и четыре публикации в материалах научных

конференций). Завершают Введение Благодарности и упоминание источников финансирования.

Глава 1 Физико-географическая характеристика Кавказа и Крыма включает два раздела В первом из них (1.1.) приводится краткий очерк геологической истории Кавказа (1.1.1) и дано физико-географическое описание региона (1.1.2). в этих подразделах автором подробно и профессионально описана орография, гидрография, климат и прочие физико-географические условия региона в свете палеогеологических событий, приведших к современному состоянию рельефа и прочих условий среды. При этом все сведения сгруппированы секциями по отдельным субрегионам. Следующий раздел главы (1.2) обобщает аналогичные сведения о геологической истории, гидрографии и современном состоянии условий обитания гидробионтов для второго региона исследований – Крыма.

Глава 2 посвящена описанию использованного Материала и Методов исследований. Число исследованных молекулярно-генетическими методами образцов (раздел 2.1, рис. 2, табл. 2) достаточно для решения поставленных задач (759 образцов из 173 локальностей), ещё 40 особей было изучено из соседних для Крыма и Кавказа регионов – 10 локальностей на территории Греции и Турции. Используемые ткани, методы фиксации и выделения ДНК описаны в этом же разделе (2.1) достаточно подробно для их воспроизведения.

Что касается молекулярных методов, они заключаются в анализе изменчивости путём секвенирования по Сэнгеру трёх фрагментов мтДНК и одного интрона ядерного гена бета-актина. Олигонуклеотидные праймеры, использованные для полимеразной цепной реакции (ПЦР), описаны в том же разделе 2.1 В целом подход, сочетающий последовательности митохондриальных и ядерных фрагментов ДНК, следует признать удачным и соответствующим цели и основным задачам работы, о свойствах этих классов маркеров и необходимости их комбинации автор пишет также в этом разделе.

Раздел 2.2 посвящён описанию методов анализа полученных сиквенсов, получения оценок генетического разнообразия, построения медианных сетей гаплотипов и филогенетических деревьев. Все методы описаны достаточно подробно с приведением необходимых ссылок на литературные источники и

использованное программное обеспечение. Табл. 4 содержит сведения о выборе оптимальных моделей эволюции фрагментов мтДНК. Описана также процедура оценки времени расхождения таксонов. Широкое применение различных аутгрупп и калибровочных точек по данным палеоихтиологии делает эту часть исследования более достоверной. Раздел 2.3 описывает методы оценки генетического разнообразия и построению сетей гаплотипов с помощью алгоритма статистической парсимонии, что следует признать оправданным. Оценка двойных пиков у гетерозигот с фазированием и возможностью реконструкции гаплотипов также приводит к повышению качества анализа. Последовательности депонированы в Генбанк NCBI (2.4).

В заключительном разделе Главы 2 (2.5) описаны методы анализа морфологических признаков, все эти методы, включая многомерный анализ и применявшиеся пакеты для среды R, следует признать современными и адекватными задачам работы.

В Главе 3 приведены результаты собственных исследований, уточняющих филогенетическое положение усачей р. *Barbus* Кавказа и сопредельных регионов по данным мтДНК. Выделение западноевропейской клады усачей по *cytb* (3.1) подтверждает видимую в полученных предшественниками филогенетических картину, но существенно подкрепляет и уточняет её. Данные по COI (3.2) подтвердили выделение тех же основных клад, однако информативность этого маркера COI для определения взаимоотношений внутри клад была сравнительно низкой, присутствовали множественные политомии, поддержка узлов ветвления была ниже, чем для данных по цитохрому. Комбинированный анализ по последовательностям двух этих маркеров (3.3) также дал сходную топологию дерева. Сравнение этих данных с полученными ранее другими исследователями (3.4) показало отсутствие крупных противоречий, в то же время новые данные автора существенно уточняют и дополняют картину за счёт большей представленности таксонов, плотного расположения локальных выборок на местности, в то же время отмечено, что различия могут быть вызваны и разными методами анализа данных, с чем следует согласиться.

Анализ путей миграции *Barbus s. str.* (3.5) показал, что род *Barbus*, как и все семейство карповых (Cyprinidae), имеет азиатское происхождение. Однако

современная линия *Barbus* мигрировала напротив, в направлении с запада на восток или с Балкан в обоих широтных направлениях (на запад от, возможно, в чистом виде вымершей балканской субклады усачей – предков западноевропейской линии), к чему склоняется и автор. Эта гипотеза согласуется и с филогеографическими реконструкциями по другим таксонам рыб и круглоротых.

Глава 4 посвящена филогении усачей рода *Barbus* Понто-Каспийской субклады по данным мтДНК и филогеографии усачей Кавказа и Крыма. Автор описывает 11 линий мтДНК в регионе Понто-Каспия, которые имеют хорошую бутстрэп-поддержку по данным о последовательностях цитохрома *b*. Виды кавказских и крымских усачей автор разделяет на три подгруппы, которые он называет Черноморской, Каспийской и Северокавказской. При этом картина достаточно сложна, поскольку в бассейне Чёрного моря отмечены виды не из Черноморской клады (*B. kubanicus*), но к этой подгруппе принадлежат виды из Европы и Мраморного моря. Аналогично, в Каспийской группе содержатся виды не только из собственно Каспия, но и из бассейна Тигра и Евфрата. Два вида выделяются в отдельную Северокавказскую подгруппу. Таким образом, усачи Кавказа и Крыма не могут рассматриваться как монофилетическая группа, картина сложнее, и это стало очевидно в результате работ, приведённых в составе рассматриваемой диссертации.

Автором далее рассматриваются события плиоцен-плейстоценовой истории Крыма и Кавказа как факторов обособления усачей региона от балканских предковых линий, что выглядит вполне правдоподобным объяснением наблюдаемой в настоящее время филогеографической картины. Таким же образом, тщательный анализ и проекция на события палеоистории региона позволили автору реконструировать на основе данных мтДНК эволюционные связи гаплогрупп внутри Черноморской подгруппы усачей с привязкой видовых названий к этим линиям, зачастую требующих корректировки по сравнению с исходными номенклатурными соображениями.

На основании попарных значений F_{ST} определены популяции черноморских усачей, характеризующиеся высокой степенью изоляции от других (в частности, кубанская линия *B. tauricus*). Не во всех случаях степень подразделённости

отражала географическую близость/удалённость сравниваемых группировок. Это автор справедливо объясняет различными вторичными контактами между линиями, с их спецификой в каждом конкретном бассейне. При этом новыми идеями здесь являются суждения о большей изоляции во времена межледниковий и трансгрессий океана и большая связность популяционной структуры при распреснении водоёмов региона во время плейстоценовых оледенений и соответствующих им периодов регрессий моря.

Мозаичность распределения гаплогрупп усачей в Крыму автор объясняет множественностью событий колонизации и нахождением полуострова на перекрёстке миграционных путей, что позволило местным популяциям «улавливать» и принимать в свой генофонд мутации, возникшие в различных частях суммарного ареала таксона. Эти волны миграций и взаимодействие автохтонных реликтовых генных пулов с мигрантами из других регионов, как заключает автор, и создали сложную современную филогеографическую картину.

Для Каспийской подгруппы (4.2) эволюционные связи митохондриальных линий и филогеографическая картина также достаточно сложные, но генетические данные в значительной степени позволяют навести порядок в номенклатуре усачей региона. Однако, что касается дерева по сиквенсам контрольного региона, то оно имело крайне слабую общую географическую структурированность. Как и в случае черноморской подгруппы, история взаимодействия популяций включала и периоды изоляции, и вторичные контакты автохтонных элементов с иммигрантами их окружающих регионов. Интересно мнение автора о том, что меньшая изолирующая способность Каспия из-за его низкой солёности способствовала миграциям локальных популяций куринского усача вдоль Каспийского побережья и препятствовала окончательному закреплению линий, начавших ранее обособляться.

Для Северокавказской подгруппы усачей, представленной двумя видами, был сделан вывод о меньшей степени генетического разнообразия по сравнению с Черноморской и Каспийской, что автор вполне резонно объясняет более выраженным влиянием плейстоценовых оледенений на северокавказские

биотопы, при этом более южный *B. ciscaucasicus* «пострадал» при этом в меньшей степени.

В Главе 5 рассматриваются генетические взаимоотношения между кавказскими и крымскими усачами рода *Barbus* по данным ядерной ДНК. Для характеристики яДНК был выбран один из двух паралогов второго интрона гена бета-актина, использованы описанные в литературе праймеры, разработанные для европейских усачей. Для анализа были привлечены, помимо собственно крымско-кавказских видов, р. *Barbus*, последовательности для усачей из Турции. В отличие от мтДНК, ядерная ДНК позволяет идентифицировать особи гибридного происхождения. Так, выявлены гибриды между *B. kubanicus* и *B. tauricus* в трех реках бассейна Кубани. Разработан интересный методический подход, позволяющий моделировать происхождение сложных вариантов родительских аллелей гетерозигот, не поддающихся фазированию, на основе комбинирования вариантов гетерозигот из референсных аллелей.

В Главе 6 приведены результаты анализа усачей Крыма с помощью морфологических признаков. Проведённый анализ меристических и пластических признаков подтвердил гетерогенность крымских популяций усачей комплекса *B. tauricus*. Популяция, представленная митохондриальной линией (соответствующей *B. oligolepis*) из бассейна р. Чёрная показала значимые отличия от остальных выборок по меристическим признакам. При этом морфологическая дифференциация не всегда соответствовала генетической. По пластическим признакам наиболее дивергировавшей оказалась популяция из малой реки Учан-Су, с экстремальными для обитания усачей условиями.

Несмотря на общий высокий научный уровень работы, можно сделать некоторые замечания.

1. Использование отдельных единичных фрагментов мтДНК на современном этапе развития филогенетики даже эры «до NGS» вызывает вопросы, все они имеют свои ограничения. Так, для примера относительно цитохрома *b* см. Лапинский и др. «Некоторые ограничения использования гена *cytb* митохондриальной ДНК как молекулярного маркера для филогенетических и

популяционно-генетических исследований на примере рода *Apodemus*» // Вавиловский журнал генетики и селекции / 2015. Т.19. №1. С. 128-135. Аналогичные вопросы вызывает изолированное использование на позвоночных COI и контрольного региона. Однако сочетание нескольких фрагментов, как это и сделано в данной работе, повышает устойчивость топологии получаемых реконструкций.

2. Нужно отметить, что подробного описания условий ПЦР (состав ПЦР-реакций, температура отжига праймеров и описание режимов ПЦР, как и описания секвенирования, а работе не приведено, что может затруднить воспроизведение методик.
3. Использование лишь одного ядерного маркерного локуса, хоть и позволило констатировать сам факт гибридизации и интрогрессии видов в популяциях, не позволяет классифицировать гибридов на классы (F1, F2, бэккроссы), что было бы возможно по набору ядерных локусов (начиная с аллозимов и микросателлитов и заканчивая SNP). Развитие этого направления исследований можно порекомендовать автору на будущее, если он продолжит работу в данной области.
4. В целом комбинация молекулярных и морфологических подходов стала «золотым стандартом» в области эволюционной экологии. Однако, для касается рассматриваемой работы, в разделе 2.5 лишь упоминается, что морфометрия применялась только для крымских усачей в связи с «неоднозначными генетическими данными». Не вполне ясно, почему в работе (по основной специальности «зоология») те же подходы унифицированно не применялись для независимой проверки паттернов дифференциации кавказских усачей (например, с целью выявления признаков фенотипа, скоррелированных с молекулярной изменчивостью и соответственно, рассматриваемых как диагностические в важные для таксономии и видовой диагностики морфологические маркеры).

Опечатки в тексте диссертации единичны (пример – с. 117, стр 3 снизу, «рекоcnтpуиpуемых»).

Высказанные отдельные замечания не имеют принципиального характера и не влияют на общую высокую оценку работы.

Работа хорошо структурирована, изложена лаконично, что позволило описать полученные результаты и тщательно обсудить их. Научный стиль текста и вообще язык диссертации заслуживает самой высокой оценки. Оформлена работа тщательно, рисунки и таблицы наглядны и информативны. Практически отсутствуют орфографические, синтаксические и пунктуационные ошибки.

Рассматриваемая диссертационная работа представляет собой существенный вклад в **решение ряда фундаментальных проблем** зоологии, эволюционной биологии, филогенетики, биогеографии и популяционной генетики. При этом **практическая значимость** работы также несомненна. Материалы диссертации могут быть использованы при идентификации таксонов и их гибридов, инвентаризации биоразнообразия в регионах Крым, Кавказ и соседних с ними, организации изучения и охраны популяций усачей и других гидробионтов. Результаты работы, несомненно, найдут применение при подготовке и повышении квалификации студентов, аспирантов и специалистов в области биологии в системе Минобрнауки.

В целом, нужно отметить, что автором проделан большой объем исследовательской и аналитической работы, выборки и их репрезентативность в отношении изучаемого региона достаточны для достижения заявленной цели. Применение избранных методов обоснованно, все выводы основаны на анализе данных и их обсуждении, что не позволяет сомневаться в достоверности полученных автором результатов. Содержание работы достаточно полно отражено в опубликованных статьях и автореферате. По теме диссертации автором опубликованы три печатные работы в отечественных (Биология внутренних вод = Inland Water Biology - Q3) и зарубежных (Molecular Phylogenetics and Evolution – Q1) изданиях, из списка, рекомендованного ВАК и реферируемых Web of Science и Scopus. Опубликовано также четыре тезиса конференций. Результаты представлены и апробированы на авторитетных научных конференциях и школах, в том числе XV Европейском ихтиологическом конгрессе в Португалии в 2015 г.

Таким образом, представленная Александром Александровичем Гандлиным диссертационная работа является завершённым фундаментальным оригинальным научным исследованием, **отвечает** всем требованиям, предъявляемым ВАК к кандидатским диссертациям, а также критериям, изложенным в пп. 9-11, 13-14 утвержденного Правительством РФ Постановления №842 от 24 сентября 2013 г. «О порядке присуждения ученых степеней», а ее автор Гандлин А.А. **заслуживает** присуждения учёной степени кандидата биологических наук по специальности 1.5.12 - зоология.

Главный научный сотрудник, заведующий отделом популяционной генетики, заведующий лабораторией популяционной генетики Федерального государственного бюджетного учреждения науки Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова РАН, доктор биологических наук,
119991, Москва, ГСП-1, ул. Губкина, 3, тел. +7(499)135-5067, +7(499)135-6213
Email: dmitri_p@inbox.ru, dmitri.p17@gmail.com, Вебсайт <http://www.vigg.ru/>

16 марта 2023 г.

Политов Дмитрий Владиславович

Подпись Д.В. Политова заверяю:

Учёный секретарь Федерального государственного бюджетного учреждения науки Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова РАН,
доктор биологических наук,

16 марта 2023 г.

Горячева Ирина Игоревна

В диссертационный совет 24.1.034.01, при
Институте биологии внутренних вод им.
И. Д. Папанина РАН

Я, **Политов Дмитрий Владиславович**, даю согласие выступить официальным оппонентом по диссертации **Гандлина Александра Александровича** на тему «**Эволюция усачей рода *Barbus* Кавказа и сопредельных регионов**», представленной на соискание ученой степени кандидата биологических наук по специальности 1.5.12 – зоология.

СВЕДЕНИЯ ОБ ОППОНЕНТЕ

1. ученая степень, ученое звание, отрасль науки и научная специальность, по которой защищена диссертация: доктор биологических наук, биологические науки, 03.00.15 (новый шифр 1.5.7) – генетика.
2. место работы (полное наименование организации): Федеральное государственное бюджетное учреждение науки Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова Российской академии наук.
3. Сокращенное наименование организации: ИОГен РАН.
4. Почтовый адрес организации с указанием индекса: 119991, ГСП-1, Москва, ул. Губкина, д. 3.
5. Адрес официального сайта в сети Интернет: <http://vigg.ru/>.
6. Наименование структурного подразделения: Лаборатория популяционной генетики им. акад. Ю.П. Алтухова
7. Должность: заведующий лабораторией, главный научный сотрудник.
8. Телефон с указанием кода города: +7 (499) 135-50-67, +7 (916) 574-5580
9. Адрес электронной почты: dmitri_p@inbox.ru
10. Список основных публикаций по профилю оппонируемой диссертации в рецензируемых научных изданиях за последние 5 лет (не более 15):
 1. Зубова Е. М., Кашулин Н. А., Терентьев П. М., Соколов В. В., **Политов Д. В.** Морфоэкологическая и генетическая дифференциация симпатрических форм сига озера Куэтсъярви (бассейн реки Пасвик, Мурманская область) // Успехи современной биологии. 2022. Т. 142. № 5. С. 498-509 DOI 10.31857/S0042132422050131 [Zubova E. M., Kashulin N. A., Terentyev P. M., Sokolov V. V., **Politov D. V.** Morphoecological and genetic differentiation among sympatric morphs of whitefish in Lake Kuetsjärvi (River Pasvik basin, Murmansk Oblast) // Biology Bulletin Reviews. 2022. V. 12. Suppl. 1. P. S66–S77 10.1134/S2079086422070118].
 2. Мудрик Е. А., Ильяшенко Е. И., Постельных К. А., Горошко О. А., **Политов Д. В.** Соотношение полов в потомстве моногамного вида птиц – красавки *Anthropoides virgo* // Генетика. 2022. Т. 58. № 11. С. 1273-1279 10.31857/S0016675822110078. Mudrik, E.A., Ilyashenko, E.I., Postelnykh, K. A., Goroshko, O.A., & **Politov, D.V.** Sex ratio in the offspring of monogamous bird species (Demoiselle Crane *Anthropoides virgo*) // Russian Journal of Genetics. 2022, 58(11), pp. 1317-1322.
 3. Белоконь М. М., Белоконь Ю. С., Петрова Е. А., Васильева Г. В., Ефимова А. П., Захаров Е. С., Горошкевич С. Н., Политов Д. В. Древняя и современная гибридизация сибирской кедровой сосны и кедрового стланика на юге Якутии // Генетика. 2022. Т. 58. № 11. С. 1240-1250 10.31857/S0016675822110029. [Belokon, M.M., Belokon, Y.S., Petrova, E.A., Vasilyeva, G.V., Efimova, A.P., Zakharov, E.S., Goroshkevich, S.N., & **Politov, D.V.** Ancient and modern hybridization of Siberian Stone Pine and Dwarf Siberian Pine in the south of Yakutia // Russian Journal of Genetics. 2022, 58(11), pp. 1287-1296].

4. Казимиров П. А., Леонтьев С. В., Нечаева А. В., Белоконь М. М., Белоконь Ю. С., Бондарев А. Я., Давыдов А. В., **Политов Д. В.** Популяционно-генетическая структура степного волка России и Казахстана по микросателлитным локусам // Генетика. 2022. Т. 58. № 11. С. 1261-1272 DOI 10.31857/S0016675822110042. [Kazimirov, P.A., Leontyev, S.V., Nechaeva, A.V., Belokon, M.M., Belokon, Y.S., Bondarev, A.Y., Davydov, A.V., & **Politov, D.V.** Population genetic structure of the steppe wolf of Russia and Kazakhstan by microsatellite loci // Russian Journal of Genetics. 2022, 58(11), pp. 1306-1316].
5. Бочкарев Н. А., Сендек Д. С., Катохин А. В., Зуйкова Е. И., Матвеев А. Н., Пестрякова Л. А., Захаров Е. С., Самусёнок В. П., Юрьев А. Л., **Политов Д. В.** Морфологическая, экологическая и генетическая изменчивость сигов *Coregonus lavaretus sensu lato* из верхнего и среднего течения р. Лены // Генетика. 2022. Т. 58. № 11. С. 1292–1310 DOI 10.31857/S0016675822110030. [Bochkarev, N.A., Sendek, D.S., Katokhin, A.V., Zuykova, E.I., Matveev, A.N., Pestryakova, L.A., Zakharov, E.S., & **Politov, D.V.** Morphological, Ecological, and Genetic Variation of the Whitefish *Coregonus lavaretus sensu lato* from the Upper and Middle Stream of the Lena River // Russian Journal of Genetics. 2022, 58(11), pp. 1334-1351].
6. Полякова Т. А., Шатохина А. В., **Политов Д. В.** Молекулярная филогения российских видов рода *Spiraea* (Rosaceae) по данным нуклеотидной изменчивости региона ITS ядерной рДНК // Генетика. 2022. Т. 58. № 11. С. 1251-1260 DOI 10.31857/S0016675822110091. [Poliakova, T.A., Shatokhina, A.V., & **Politov, D.V.** Molecular phylogeny of Russian species of the genus *Spiraea* (Rosaceae) according to the Nucleotide Variability of the ITS Nuclear rDNA Region // Russian Journal of Genetics. 2022, 58(11), pp. 1297-1305].
7. Мудрик Е. А., Горошко О. А., Сурмач С. Г., Кашенцева Т. А., Нечаева А. В., Смиренский С. М., **Политов Д. В.** Однородность генофонда западной и восточной популяций даурского журавля *Antigone vipio* на разных пролетных путях // Генетика. 2022. Т. 58. № 5. С. 570-580 DOI 10.31857/S001667582205006X. [Mudrik, E.A., Goroshko, O.A., Surmach, S.G., Kashentseva, T.A., Nechaeva, A.V., Smirenski, S.M., & **Politov, D.V.** Gene pool homogeneity of western and eastern populations of the White-Naped Crane *Antigone vipio* in Different Flyways // Russian Journal of Genetics. 2022, 58(5), pp. 566-575].
8. Mudrik E. A., Ilyashenko E. I., Ilyashenko V. Y., Postelnykh K. A., Kashentseva T. A., Korepov M. V., Goroshko O. A., Nechaeva A. V., **Politov D. V.** Genetic diversity and differentiation of the widespread migratory Demoiselle Crane, *Grus virgo*, on the northern edge of the species' distribution // Journal of Ornithology. 2022. V. 163. № 1. P. 291-299.
9. Бочкарев Н. А., Сендек Д. С., Зуйкова Е. И., Пестрякова Л. П., Захаров Е. С., Захарова Н. Н., Корякина Л. П., **Политов Д. В.** Популяционная структура и происхождение некоторых экологических форм *Coregonus lavaretus pidschian* из р. Оленёк // Генетика. 2021. Т. 57. № 7. С. 797-809 DOI 10.31857/S0016675821070043. [Bochkarev, N.A., Sendek, D.S., Zuykova, E.I., Pestryakova, L.P., Zakharov, E.S., Zakharova, N.N., Koryakina, L.P., & **Politov, D.V.** Population structure and origin of some ecological forms of *Coregonus lavaretus pidschian* from the Olenek River // Russian Journal of Genetics. 2021, 57(7), pp. 804-815].
10. Bochkarev N.A., Zuykova E.I., Pestryakova L.A., Ushnitskaya L.A., Zakharov E.S., **Politov D.V.**, Andree K.B., & Solovyev M.M. Intraspecific structure of the *Coregonus lavaretus* complex in water bodies of Siberia: a case of postglacial allopatric origin of Yukagirian whitefish // Canadian Journal of Zoology. 2021, 99(12), pp. 1040-1053.
11. Zolotareva K.I., Belokon M.M., Belokon Y.S., Rutovskaya M.V., Hlyap L.A., Starykov V.P., **Politov D.V.**, Lebedev V.S., Bannikova A.A. Genetic diversity and structure of the hedgehogs *Erinaceus europaeus* and *Erinaceus roumanicus*: evidence for ongoing

- hybridization in Eastern Europe // Biological Journal of the Linnean Society. 2021. V. 132. № 1. P. 174-195. Doi: 10.1093/biolinnean/blaa135
12. Талала М. С., Бондарев А. Я., Захаров Е. С., **Политов Д. В.** Генетическая дифференциация популяций волка *Canis lupus* L. Сибири по микросателлитным локусам // Генетика. 2020. Т. 56. № 1. С. 67-77 DOI: 10.1134/S0016675820010129 IF=0,559. [Talala M.S., Bondarev A.Y., Zakharov E.S., **Politov D.V.** Genetic differentiation of the wolf *Canis lupus* L. Populations from Siberia at microsatellite loci // Russian Journal of Genetics. 2020. Т. 56. № 1. С. 59-68 <https://doi.org/10.1134/S1022795420010123>].
 13. Шитова М. В., Хохлов Ю. Н., Никифоров А. И., Афанасьев П. К., Орлова С. Ю., Ельников А. Н., Бугаев А. В., Ракицкая Т. А., Прохоровская В. Д., Малинина Т. В., **Политов Д. В.**, Афанасьев К. И., Рубцова Г. А., Животовский Л. А. Дифференциация северной азиатской кеты (*Oncorhynchus keta* W.) по микросателлитным маркерам // Генетика. 2020. Т. 56. № 6. С. 677-689. [Shitova, M.V., Khokhlov, Y.N., Nikiforov, A.I., Afanasyev, P.K., Orlova, S.Y., Elnikov, A.N., Bugaev, A.V., Rakitskaya, T.A., Prohorovskaya, V.D., Malinina, T.V., **Politov, D.V.**, Afanasyev, K.I., Rubtsova, G.A., & Zhivotovsky, L.A. Differentiation of Asian North Chum Salmon (*Oncorhynchus keta* W.) based on microsatellite markers // Russian Journal of Genetics. 2020, 56(6), pp. 706-717].
 14. Naase, M., Höltje, H., Blahy, B., Bridge, D., Henne, E., Johansson, U.S., Kaldma, K., Khudyakova, E.A., King, A., Leito, A., Mewes, W., Mudrik, E.A., Ojaste, I., **Politov, D.V.**, Popken, R., Rinne, J., Stanbury, A., Tofft, J., Väli, Ü., & Schmitz Ornés, A. Shallow genetic population structure in an expanding migratory bird with high breeding site fidelity, the Western Eurasian Crane *Grus grus grus* // Journal of Ornithology. 2019, 160(4), pp. 965-972.
 15. Бочкарев Н. А., Зуйкова Е. И., Пестрякова Л. А., Захаров Е. С., Романов В. И., Соколов В. В., **Политов Д. В.** Сиг-пыжьян (*Coregonus lavaretus pidschian*, Coregonidae) реки Анабар. Морфология, экология, генетика // Генетика. 2018. Т. 54. № 9. С. 1057-1067 DOI: DOI: 10.1134/S0016675818090047 ИФ=0,866 Q4. [Bochkarev, N.A., Zuykova, E.I., Pestryakova, L.A., Zakharov, E.S., Romanov, V.I., Sokolov, V.V., & **Politov, D.V.** Siberian whitefish (*Coregonus lavaretus pidschian*, Coregonidae) from the Anabar River: morphogenetic structure of the population // Russian Journal of Genetics. 2018, 54(9), pp. 1078-1088].

Заведующий лабораторией популяционной генетики
им. акад. Ю.П. Алтухова, главный научный сотрудник
ИОГен РАН, доктор биологических наук,

Д.В. Политов

Подпись Д.В. Политова заверяю:

Учёный секретарь Федерального государственного
бюджетного учреждения науки
Институт общей генетики им. П.И. Вавилова РАН,
доктор биологических наук,



Горячева И. И.

16 марта 2023 г.