

ОТЗЫВ

официального оппонента на диссертацию
Соколовой Надежды Алексеевны на тему
«Филогеография и генетическое разнообразие речной выдры
(*Lutra lutra*) на территории России и стран Закавказья»,
представленную на соискание ученой степени кандидата биологических наук
по специальности 1.5.12. Зоология

Актуальность. Диссертационная работа Н.А. Соколовой посвящена анализу филогеографии и оценке уровней и пространственного распределения генетического разнообразия речной выдры с использованием главным образом молекулярно-генетических методов, но с учётом анализа собственных и литературных данных и по другим признакам. Выдры р. *Lutra* относятся к широкораспространённым представителям сем. Куньих, Mustelidae (отр. Carnivora, Mammalia), а речная выдра *L. lutra* является одним из обычных массовых видов палеарктических околотовидных хищников, занимающим обширный ареал с разнообразными условиями обитания. При этом сокращение популяций и исчезновение выдры наблюдается в различных частях ареала и связано в первую очередь с антропогенным влиянием. Во многих странах проводятся работы по реинтродукции, в то же время на территории России и Закавказья численность выдры относительно стабильна, однако данные о генетическом разнообразии крайне скудны. Актуальность работе придает и то, что предлагаемые в данной диссертации подходы, требующие приложения современных молекулярных технологий, существенно расширяют существующие представления об эволюционной истории, филогеографии и состоянии генофонда вида, важного в экологическом отношении.

Поставленные четыре задачи адекватны для достижения цели диссертационной работы – описания филогеографической структуры и генетического разнообразия речной выдры на территории России и Закавказья.

Научная новизна работы не вызывает сомнений, из-за неисследованности российской и кавказской части ареала все результаты оригинальны и получены впервые для данных территорий.

Диссертационная работа построена по традиционному плану, состоит из введения, четырёх глав (Обзор литературы, Материалы и методы, Результаты, Обсуждение) и завершается Выводами. Общий объём работы 124 страницы текста, из них 107 страниц основного текста и 17 страниц Приложений. Диссертация включает 33 рисунка и 13 таблиц в основном тексте, пять таблиц вынесены в

Приложение. Список литературы включает 169 источников, в том числе 146 на иностранных языках.

Во Введении изложены актуальность исследования, степень разработанности темы исследования, цели и задачи работы, научная новизна, теоретическая и практическая значимость, кратко описаны методы, приведены основные положения, выносимые на защиту, даны публикации и детали апробирования результатов. Личный вклад соискателя оценивается в 75-90%.

Обзор литературы логично организован, имеет близкий к оптимальному объём и насыщен информацией, содержит обзор всех основных публикаций, относящихся к теме работы и их анализ. Обзор состоит из четырёх разделов с подразделами. В разделе 1.1 автор дает подробную биологическую характеристику вида, включая биотопическое распределение, территориальность, трофические связи, размножение и риски, связанные в антропогенным воздействием на генофонд в контексте сравнения с природными факторами популяционной динамики. Раздел 1.2 посвящён вопросам распространения и демографии речной выдры в различных частях её обширного ареала. Для околководного хищника ареал этот весьма причудлив, уникальным является сочетание непрерывности ареала, обеспеченной коридорами даже в относительно аридных областях Центральной Азии и Гималаях (по данным МСОП, рис. 1.2) и вторичной его фрагментации в Европе и некоторых других регионах. Важным является рассмотрение автором специфических факторов динамики популяций выдры в различных регионах. Подчеркивает автор и отсутствие систематизированных сводок о распространении и демографии выдры на территории России, хотя по цитируемым автором данным ФНИЦ «Охота» численность выдры после депрессии в настоящее время увеличивается. В разделе 1.3 автор приводит современные взгляды на подвидовую структуру речной выдры, которые выглядят достаточно противоречиво с описанием множества подвидов в пределах фрагментированных южных частей ареала и отнесению к одному номинативному подвиду малоизученных территорий Северной Палеарктики. Раздел 1.4 освещает современное состояние исследований филогеографии и генетической изменчивости. Описаны принципы филогеографии, используемые молекулярно-генетические маркеры. Особое внимание уделено микросателлитам и фрагментам мтДНК, то есть маркерам, которые выбраны в качестве инструментов и в рассматриваемой работе. Рассмотрено автором и проведение генетических исследований на основе неинвазивных образцов.

Материалы и методы. Материалом послужили сборы тканей речной выдры в количестве 166 образцов, что, учитывая не очень высокую степень доступности

особей изучаемого вида, можно признать репрезентативной суммарной выборкой, достаточной для решения поставленных задач. Географическое распределение сборов по ареалу достаточно широкое. Кавказская выдра представлена сборами из Армении, северная выдра хорошо представлена в европейской части РФ выборками с Северо-Запада, из Нечерноземья и Черноземья, зауральские популяции – сборами из Свердловской области, ЯНАО, ХМАО, западносибирские и дальневосточные (включая Камчатку и Чукотку) выборки репрезентативны в отношении восточной части ареала речной выдры. Ограниченные сборы представляли Среднюю и Восточную Сибирь, что очевидно связано с труднодоступностью мест сбора. Значительная часть материала собрана самой диссертанткой, другая часть получена из нескольких авторитетных музейных коллекций и от коллег-зоологов. За редкими исключениями (например, Ташкентский зоопарк) сборы были из природных популяций выдры.

Автором отработаны и усовершенствованы методы выделения геномной ДНК из костной и мышечной тканей, а также шерсти выдры. Для ряда особей использована экстракция ДНК из неинвазивных источников биоматериала – экскрементов.

Для оценки уровней внутривидового генетического разнообразия и пространственной дифференциации выдры на ареале использованы два класса молекулярно-генетических маркеров, хорошо дополняющих друг друга. Первый – фрагменты митохондриальной ДНК (цитохром b и участок контрольного региона), амплифицированные с помощью ПЦР и секвенированные по Сэнгеру – наследуемые по материнской линии и не рекомбинирующие. Второй класс маркеров – мультиплексные панели аутосомных микросателлитных локусов, полиморфизм которых регистрируется сочетанием ПЦР и фрагментным анализом на капиллярном ДНК-анализаторе. Автор работы не только успешно применяла выбранные методики, но и модифицировала их под конкретные задачи, связанные с разными видами биоматериала. Наиболее трудоемкая работа по комбинации микросателлитных локусов в мультиплексы также была выполнена самой диссертанткой.

Для неинвазивных проб с ООПТ «Калужские засеки» приходилось также проводить видовую и индивидуальную идентификацию, что также было успешно решено с помощью фрагмента гена цитохрома b мтДНК и сокращённого набора наиболее надёжных микросателлитов. Используются в работе также и молекулярные маркеры пола.

Для анализа мтДНК автор использовала помимо проанализированных лично образцов также последовательности контрольного региона выдры из NCBI GenBank.

Приведены все многочисленные использованные для статистической обработки данных и реконструкций филогеографии компьютерные программы и пакеты с упоминанием конкретных процедур, реализованных в тех или иных из них.

В целом Глава производит очень благоприятное впечатление, выбор методов обоснован, они адекватны задачам исследования и описаны достаточно подробно для их воспроизведения.

Глава 3. Результаты структурирована в соответствии с задачами исследования. В разделе 3.1 рассмотрена индивидуальная идентификация особей речной выдры на «Калужских засеках» как представителя скрытноживущих хищных млекопитающих. После идентификации 41 образца мтДНК 32 из них было идентифицировано как выдра, для большей части из них был определен гаплотип мтДНК и пол, а для 9 образцов и полные генетические профили по ядерным микросателлитам, что позволило включить их в филогеографический. В целом использованный подход демонстрирует возможность использования его для генетического мониторинга скрытно обитающих хищников на примере речной выдры.

В разделе 3.2 описаны результаты анализа мтДНК для исследования подвидовой структуры выдры. Построенные медианные сети демонстрируют обособленность кавказских популяций и валидность выделенного ранее подвида *L.l. meridionalis*.

Раздел 3.2 посвящён анализу гаплотипического и нуклеотидного разнообразия выдры по изученным последовательностям мтДНК, который показал более высокие значения показателей внутривидовой изменчивости в дальневосточных выборках и сниженное – в кавказских. При этом индексы Таджимы и Фу показали недавнее прохождение тотальной популяции и отдельных субпопуляций выдры через «бутылочное горлышко». Автор подчеркивает, что для европейских популяций географические тренды в распределении гаплотипов и гаплогрупп крайне слабо выражены и практически отсутствуют. Для европейских, кавказских и дальневосточных популяций выявлено и депонировано генетические базы данных несколько новых гаплотипов по контрольному региону.

В разделе 3.3 автор приводит результаты анализа популяционно-генетической структуры популяций с помощью микросателлитных локусов. Их число после отсева методически ненадёжных (содержащих нуль-аллели) составило 18, что вполне соответствует решаемым задачам. Число образцов, для которых получены

микросателлитные профили, составило 117, при этом в кавказской и сибирской выборках оказалось небольшое число особей. Анализ с помощью Байесовской кластеризации и метода главных координат подтверждает ранее сделанные на основе мтДНК выводы о генетическом своеобразии кавказских и дальневосточных популяций речной выдры. Автор в Обсуждении ([раздел 4.4](#)) делает акцент на том, что ранее микросателлитная изменчивость выдр была признана низкой для европейских популяций, в то же время данное исследование показывает, что европейские с сибирские популяции менее изменчивы, чем дальневосточные, но более разнообразны, чем кавказские. Автор отмечает соответствие генетических данных морфологическим. Рассматриваются факторы, лежащие в основе динамики генофондов выдры в разных частях ареала.

Обсуждение результатов вполне соответствует как самим результатам, так и их месту в ныне существующей системе знаний о филогеографии и широко используемой в зоологических исследованиях основанной на ДНК-анализе популяционной генетике выдр. Весьма интересен [раздел 4.5](#). Автор анализирует собственные данные в контексте имеющихся сведений о филогеографии выдр и других хищников и выстраивает гипотезы, с помощью которых реконструирует основные даты и древние пути миграции вида в пост-плейстоцене (голоцене) из центра происхождения – Юго-Восточной Азии.

Работа тщательно оформлена, в тексте практически отсутствуют орфографические, синтаксические ошибки и опечатки. Рисунки и таблицы аккуратные, легко читаемые и наглядно иллюстрируют результаты.

Несмотря на общий высокий научный уровень работы, можно высказать ряд частных замечаний, имеющих рекомендательный характер.

В обзоре литературы отсутствует упоминание важной работы DuPlessis et al. 2026 в Royal Society Open Science “Recovering whole mitogenome sequences from Eurasian otter (*Lutra lutra*) spraint samples: a metagenomic approach”, посвящённой использованию генетического мониторинга популяций выдры на Британских островах на основе метагеномного подхода с использованием ДНК из экскрементов. Однако, учитывая дату её выхода, можно предположить, что текст диссертации был завершён ранее этой даты.

Материал несколько неравномерно распределён по ареалу северной выдры в России, очевидно, для его получения из Средней и Восточной Сибири были серьёзные препятствия. Заполнению «белых пятен» в недоисследованных на этом этапе регионах следует уделить внимание в будущих исследованиях, а пока к

выводам о генетической структуре и филогеографии этих территорий следует относиться с осторожностью.

При формировании набора сиквенсов для анализа мтДНК из GeneBank вопрос вызывают сформированные выборки Ирландия и Великобритания, поскольку государство Великобритания территориально простирается на остров Ирландия. Логичнее было бы назвать её «Британия». Кроме того, нужно учитывать, что выдры из Нидерландов, с большей части территории Германии и из Австрии лишь недавно восстановились, для Нидерландов они происходят из группировки, реинтродуцированной не ранее 2002 года, уместно было бы упоминание этого факта в соответствующих местах при обсуждении результатов.

Результаты. При анализе мтДНК, к сожалению, автор не приводит наряду с медианными сетями дендрограммы (максимального правдоподобия или байесовские), которые позволили бы оценить устойчивость узлов ветвления филогеографических реконструкций. В значительной мере это компенсируется приведением попарных индексов генетической дифференциации с оценкой их достоверности (рис. 3.6).

Допущены ошибки в нумерации подразделов в главе 3 (после подраздела 3.2.2 в ней не должно быть номеров 1.1.3-1.1.7 и т.д.).

В целом, несмотря на отдельные замечания, не имеющие принципиального характера и не снижающих общую высокую оценку диссертации, следует отметить, что работы выполнена на высоком научном уровне. Достоверность полученных в рассматриваемой работе результатов обеспечивается большим объёмом оригинальных данных и грамотно проведённым сравнительным анализом результатов с имеющимися в мировой научной литературе сведениями.

Результаты работы имеют значительное теоретическое значение для фундаментальной науки, а также для образовательной деятельности (в подготовке студентов и аспирантов по зоологическим, экологическим и охотоведческим специальностям). Кроме того, результаты имеют и практическое значение, могут быть использованы центральными и региональными органами природопользования для обоснования мер по охране популяций и реинтродукции речной выдры в различных частях ареала.

Заключение. Диссертационная работа Соколовой Надежды Алексеевны «Филогеография и генетическое разнообразие речной выдры (*Lutra lutra*) на территории России и стран Закавказья» на соискание ученой степени кандидата биологических наук по специальности 1.5.12 – зоология, является завершённой научно-квалификационной работой, выполненной на высоком научно-методологическом уровне с использованием современных методов исследования. Результаты, приведённые в работе, имеют высокую значимость для решения проблем современной популяционной, эволюционной и природоохранной генетики. Диссертационная работа по содержанию, актуальности, новизне, научному и методическому уровню, научно-практической ценности полученных результатов полностью соответствует критериям, предъявляемым к диссертациям на соискание учёной степени кандидата наук п. 9 "Положения о порядке присуждения ученых степеней", утвержденных постановлением Правительства РФ от 24 сентября 2013 г. № 842 (с действующими изменениями), а ее автор, Соколова Надежда Алексеевна, заслуживает присуждения искомой степени кандидата биологических наук по специальности 1.5.12 – зоология.

Доктор биологических наук,
главный научный сотрудник, заведующий лабораторией
популяционной генетики им. академика Ю.П. Алтухова
Федерального государственного бюджетного учреждения науки
Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова Российской академии наук
Политов Дмитрий Владиславович

06 мая 2026 г.

Тел.: +7 499 135-5067, моб.. +7 916 5745580, e-mail: dvp@vigg.ru
119991 Москва, ГСП-1, ул. Губкина, 3, Институт общей генетики им. Н.И.
Вавилова РАН; e-mail: iogen@vigg.ru

Подпись сотрудника Федерального государственного
бюджетного учреждения науки
Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова
Российской академии наук Д.В. Политова
удостоверяю:

заместитель директора по научной работе к.х.н.



Н.Б. Пестов
06 мая 2026 г.