

ЗАКЛЮЧЕНИЕ ДИССЕРТАЦИОННОГО СОВЕТА 24.1.101.01 НА
БАЗЕ ФЕДЕРАЛЬНОГО ГОСУДАРСТВЕННОГО БЮДЖЕТНОГО
УЧРЕЖДЕНИЯ НАУКИ ИНСТИТУТА ПРОБЛЕМ ПЕРЕДАЧИ
ИНФОРМАЦИИ ИМ. А.А. ХАРКЕВИЧА РОССИЙСКОЙ АКАДЕМИИ
НАУК ПО ДИССЕРТАЦИИ НА СОИСКАНИЕ УЧЕНОЙ СТЕПЕНИ
КАНДИДАТА БИОЛОГИЧЕСКИХ НАУК

Аттестационное дело № _____
решение диссертационного совета
от 29 сентября 2025 г., протокол № 8

О присуждении Иголкиной Анне Андреевне,
гражданину Российской Федерации,
ученой степени кандидата биологических наук.

Диссертация «Реконструкция эволюционной истории нута с применением моделирования сложных событий смещений и композиционного анализа данных» по специальности 1.5.8. — «Математическая биология, биоинформатика», принята к защите 5 мая 2025 года, протокол № 2, диссертационным советом 24.1.101.01 на базе Федерального бюджетного учреждения науки Института проблем передачи информации им. А.А. Харкевича Российской академии наук (127051, г. Москва, Большой Каретный переулок, д.19 стр. 1, приказ о создании №978/нк от 16 декабря 2013 года, номер изменен приказом № 561/нк от 03 июня 2021 года).

Соискатель Иголкина Анна Андреевна, гражданин Российской Федерации, 1991 года рождения, в 2014 году закончила магистратуру Санкт-Петербургского государственного политехнического университета по направлению Прикладная математика и информатика.

В 2018 году окончила аспирантуру Санкт-Петербургского государственного политехнического университета.

С 2013 по 2020 г. работала инженером-исследователем в Федеральном государственном бюджетном научном учреждении «Всероссийский научно-исследовательский институт сельскохозяйственной микробиологии».

Диссертация выполнена в Федеральном государственном бюджетном научном учреждении «Всероссийский научно-исследовательский институт сельскохозяйственной микробиологии».

Научный руководитель — Андронов Евгений Евгеньевич, доктор биологических наук, главный научный сотрудник лаборатории микробиологического мониторинга и биоремедиации почв ФГБНУ «Всероссийский научно-исследовательский институт сельскохозяйственной микробиологии».

Выбор официальных оппонентов и ведущей организации обусловлен их высокой компетентностью в области популяционной генетики, эволюционной биологии растений, математических подходов к анализу биологических данных и методов их интеграции, а также тем, что за последние годы ими было

опубликовано большое количество научных работ, посвященных смежным тематикам исследования.

Официальные оппоненты:

Матвеева Татьяна Валерьевна, доктор биологических наук, профессор кафедры генетики Биологического факультета Санкт-Петербургского государственного университета.

Щур Владимир Львович, доктор физико-математических наук, Заведующий лабораторией «Международная лаборатория статистической и вычислительной геномики» Национального исследовательского университета «Высшая школа экономики».

дали положительные отзывы на диссертацию.

Ведущая организация — Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Федеральный исследовательский центр Институт цитологии и генетики Сибирского отделения Российской академии наук» — дала **положительное заключение**, подписанное доктором биологических наук С.А. Лашиним, главным научным сотрудником, и.о. зав. сектором биоинформатики и информационных технологий в генетике лаборатории системной биологии и Института цитологии и генетики СО РАН, и утвержденное 4 сентября 2025г. В заключении **отмечается ряд недостатков:**

1. В работе описание биологического объекта (нута и его популяционных исследований) приведено в виде отдельной главы 3, хотя этот материал более логично смотрелся бы в обзоре литературы.
2. В тексте диссертации встречаются отсылки на другие исследования, в которых принимала участие автор, но результаты, которых явно не представлены в тексте как часть диссертационной работы. Работа Ковалева упоминается в списке работ по теме диссертации (стр. 14), однако в списке литературы ее нет. Каково отношение этих результатов к теме работы, к её целям и задачам? Интуитивно понятно, что определение полиморфизмов (генетических данных) — необходимая часть предварительной работы для решения поставленных в диссертации задач. Однако формально эта работа не входит в задачи, поставленные автором диссертации.
3. В литературном обзоре, к сожалению, отсутствуют чёткие формулировки и определения многих важных понятий.
4. В работе представлены два пакета программ анализа генетических и популяционных данных (popdisp и migadmi). Было бы полезно дать описание этих пакетов с указанием типов входных и выходных данных, их внутренней структурой в виде блок-схем.
5. Есть замечания к представлению формул и рисунков: не для всех формул даны расшифровки обозначений; не для всех графиков подписаны оси, не расшифрованы цвета.
6. Описание результатов тестирования алгоритмов на симулированных данных (раздел “4.3.1 Тестирование на симуляциях”) дает лишь итоговые оценки точности реконструкции сценариев. Хотелось бы иметь более детальное описание проведения экспериментов.

7. К сожалению, в диссертации никак не описана процедура «взвешенной оценки» географических путей, поэтому приведённые на стр. 90-91 рассуждения «Однако, поскольку в Средиземноморских популяциях такие пути проходят частично по воде, получение взвешенной оценки таких путей является нетривиальной задачей, так как требует экспертного анализа относительной сложности перемещения по воде и по суше» выглядят не очень понятно и не вполне обоснованно.

8. В разделе 4.3.3 было бы полезно привести значения ВИС для исследованных моделей различных сценариев происхождения популяции нута кабули, чтобы можно было оценить, насколько действительно размер эффекта в различии между моделями позволяет говорить о том, что только одна из них способна адекватно описать имеющиеся данные.

9. В заключении указано: «Генетические сходства между образцами в 9 из 11 популяций нута соответствуют длинам оптимальных путей перемещения по ландшафту больше, чем линейным расстояниям между образцами» —вообще, это довольно очевидный вывод. Было бы скорее интересно попытаться рассмотреть, почему в 2 из 11 популяций это не так.

10. Последний пункт в списке практической значимости работы (стр. 12): «Установленное смешанное происхождение некоторых популяций дези, что указывает на существование двух древних, независимых торговых путей из Ближневосточного региона...» представляет собой слишком сильное утверждение. Строго говоря, методами биоинформатики (и биологии вообще) нельзя установить наличие или отсутствие торговых путей в древности. На этот вопрос, вероятно, точный ответ могут дать комплексные исследования совокупности данных (генетики, биоинформатики, археологии, истории и др.).

11. В работе допущены опечатки, неудачные формулировки, несогласованные предложения, англицизмы, некорректная калька с английского, перечисление которых заняло бы много места.

Однако перечисленные замечания редакторского характера в целом не влияют положительное впечатление от высокого уровня работы, интересных и новых результатов, полученных автором и общую оценку его квалификации как специалиста-математика и биоинформатика, способного решать сложные популяционно-генетические задачи.

В заключении отзыва указано, что «диссертационная работа А. А. Иголкиной выполнена на высоком научном и методическом уровне и соответствует требованиям по актуальности, степени обоснованности научных положений и выводов, их достоверности, практической значимости и новизне, установленным пунктами 9-14 "Положения о присуждении ученых степеней" (утверждено Постановлением Правительства РФ от 24.09.2013 г. № 842 с изменениями Постановлений Правительства РФ от: 21.04.2016 г. № 335; 02.08.2016 г. № 748; от 29.05.2017 г. № 650; 20.03.2021 г. № 426; 11.09.2021 №1539; 26.09.2022 г. № 1690), предъявляемым к диссертациям на соискание ученой степени кандидата наук. Учитывая наличие достаточного числа публикаций в рецензируемых научных изданиях первого квартиля и научную значимость полученных результатов, автор диссертационной работы

заслуживает присуждения степени кандидата биологических наук по специальности 1.5.8 — "Математическая биология, биоинформатика"».

В отзыве оппонента Матвеевой Татьяны Валерьевны, доктора биологических наук, профессора кафедры генетики и биотехнологии Биологического факультета Санкт-Петербургского государственного университета, присутствует ряд замечаний и комментариев: 1. Поскольку работа выполнена на стыке двух дисциплин — биологии и математики, следовало бы более внимательно относиться к понятийному аппарату обеих наук, в частности, что понимает автор под термином «аллель»? Из текста складывается впечатление, что анализировали не аллели, а отдельные SNP. Поскольку определения понятия аллели в диссертации не приводится, по этому вопросу необходимы пояснения.

2. В описании материала следовало бы четко указать плоидность исследуемого объекта, а также биологию его размножения.

3. В тексте работы многократно встречаются неудачные выражения.

Замечания и вопросы носят дискуссионный характер и не влияют на высокую оценку работы.

Диссертационная работа А.А. Иголкиной «Реконструкция эволюционной истории нута с применением моделирования сложных событий смещений и композиционного анализа данных» выполнена на высоком научном и методическом уровне и соответствует требованиям по актуальности, степени обоснованности научных положений и выводов, их достоверности, практической значимости и новизне, установленными пунктами 9-14 "Положения о присуждении ученых степеней" (утверждено Постановлением Правительства РФ от 24.09.2013 г. № 842 с изменениями Постановлений Правительства РФ от: 21.04.2016 г. № 335; 02.08.2016 г. № 748; от 29.05.2017 г. № 650; 20.03.2021 г. № 426; 11.09.2021 №1539; 26.09.2022 г. № 1690), предъявляемым к диссертациям на соискание ученой степени кандидата наук. Учитывая наличие достаточного числа публикаций в рецензируемых научных изданиях первого квартиля и научную значимость полученных результатов, автор заслуживает присвоения степени кандидата биологических наук по специальности 1.5.8 — "Математическая биология, биоинформатика"».

В отзыве оппонента Щура Владимира Львовича, доктора физико-математических наук, заведующего лабораторией «Международная лаборатория статистической и вычислительной геномики» Национального исследовательского университета «Высшая школа экономики».

имеется ряд замечаний:

1). Разделы 3.1 и 3.2 относятся к обзору литературы. В текущем виде обзор литературы не даёт полного представления о предметной области.

2. Не хватает подробной документации представленных в диссертации методов в тексте или в соответствующих репозиториях GitHub.

3). На рисунках 4.10 и 4.12 хотелось бы иметь точные значения критериев отбора моделей.

4). Раздел 1.4: непонятно как выбирается ортонормированный базис для Симплекса S^D ?

В отзыве также присутствуют замечания, касающиеся оформления и описания рисунков, а также отмечается наличие умеренного количества опечаток и неточностей.

В Заключении отзыва отмечено, что «диссертационная работа А.А. Иголкиной выполнена на высоком научном и методическом уровне и соответствует требованиям по актуальности, степени обоснованности научных положений и выводов, их достоверности, практической значимости и новизне, установленным пунктами 9-14 "Положения о порядке присуждения ученых степеней", утвержденного Постановлением Правительства РФ от 24 сентября 2013 г. №842 с изменениями Постановлений Правительства РФ от: 21.04.2016 г. № 335; 02.08.2016 г. № 748; от 29.05.2017 г. № 650; 20.03.2021 г. № 426; 11.09.2021 №1539; 26.09.2022 г. № 1690), предъявляемым к диссертациям на соискание ученой степени кандидата наук Учитывая наличие достаточного числа публикаций в рецензируемых научных изданиях первого квартиля и научную значимость полученных результатов, автор заслуживает присвоения степени кандидата биологических наук по специальности 1.5.8 — "Математическая биология, биоинформатика"».

Соискатель имеет 8 статей по теме диссертации в международных рецензируемых журналах, индексируемых в Web of Science и Scopus. Кроме того, соискателем опубликовано 2 тезиса по теме диссертации в материалах международных конференций.

Статьи по теме диссертации:

1. Igolkina A.A., Porozov Yu.B., Chizhevskaya E.P., Andronov E.E. Structural insight into the role of mutual polymorphism and conservatism in the contact zone of the NFR5–K1 heterodimer with the Nod factor // *Frontiers in Plant Science*. 2018. Vol. 9.
2. Kovalev M.S., Igolkina A.A., Samsonova M.G., Nuzhdin S.V. A pipeline for classifying deleterious coding mutations in agricultural plants // *Frontiers in Plant Science*. 2018. Vol. 9. P. 1734.
3. Igolkina A.A., Bazykin G.A., Chizhevskaya E.P., Provorov N.A., Andronov E.E. Matching population diversity of rhizobial nodA and legume NFR5 genes in plant-microbe symbiosis // *Ecology and Evolution*. 2019. Vol. 9, No 18. P. 10377-10386.
4. Igolkina A.A., Meshcheryakov G., Gretsova M.V., Nuzhdin S.V., Samsonova M.G. Multi-trait multi-locus SEM model discriminates SNPs of different effects // *BMC Genomics*. 2020. Vol. 21, No S8. P. 490.
5. Igolkina A. A., Meshcheryakov G. semopy: A Python package for structural equation modeling // *Structural Equation Modeling: A Multidisciplinary Journal*. 2020. Vol. 27, No 6. P. 952–963.
6. Sokolkova A., Bulyntsev S.V., Chang P L., Carrasquilla-Garcia N., Igolkina A A., Noujdina N V., von Wettberg E., Vishnyakova M A., Cook D.R., Nuzhdin S.V., Samsonova M.G. Genomic analysis of Vavilov's historic chickpea landraces

reveals footprints of environmental and human selection // International Journal of Molecular Sciences. 2020. Vol. 21, No 11. P. 3952.

7. Korvigo I., Igolkina A.A., Kichko A.A., Aksenova T., Andronov E.E. Be aware of the allele-specific bias and compositional effects in multi-template PCR// PeerJ. 2022. Vol. 10. P. e13888.
8. Igolkina A.A., Noujdina N.V., Vishnyakova M., Longcore T., von Wettberg E., Nuzhdin S.V., Samsonova M.G. Historical routes for diversification of domesticated chickpea inferred from landrace genomics // Molecular Biology and Evolution. 2023. Vol. 40, No 6. P. msad110.

Результаты работы, опубликованные в сборниках тезисов российских и международных конференций:

1. Igolkina A., Noujdina N., Longcore T., von Wettberg E., Samsonova M., Nuzhdin S. Models for crop species diversification within and between centers of domestication // MCCMB2021, Москва, Россия, 30 июля — 2 августа 2021.
2. Igolkina A., Samsonova M., Nuzhdin S. Compositional approximation of the Wright-Fisher model in estimating genetic centroids and admixture graphs // ProbGen2024, Вена, Австрия, 10-12 апреля 2024.

На автореферат поступило 8 положительных отзывов.

В отзыве на автореферат Гоголева Юрия Викторовича, доктора биологических наук, зав. лабораторией молекулярной биологии Казанского института биохимии и биофизики — обособленного структурного подразделения Федерального исследовательского центра «Казанский научный центр РАН» указано, что «актуальность работы Иголкиной А.А. предопределяется экономической важностью данной сельскохозяйственной культуры, в работе обновлено представление об эволюционной истории нута и существенно расширен методический арсенал для будущих подобных исследований. По актуальности, объему выполненных исследований, методическому уровню, научной новизне и практической значимости полученных результатов настоящая работа полностью соответствует требованиям п. 9 Положения о присуждении ученых степеней, утвержденного постановлением Правительства Российской Федерации от 24 сентября 2013 г. № 842, ее автор — Иголкина Анна Андреевна, заслуживает присуждения ученой степени кандидата биологических наук по специальности 1.5.8 — «Математическая биология, биоинформатика»».

В отзыве на автореферат Камнева Александра Анатольевича, доктора химических наук, ведущего научного сотрудника, профессора Института биохимии и физиологии растений и микроорганизмов — обособленного структурного подразделения ФГБУН Федерального исследовательского центра «Саратовский научный центр РАН» отмечено: «Автореферат написан профессиональным языком, хорошо иллюстрирован. Сколько-нибудь значимых замечаний по материалам, представленным в автореферате, не возникло».

Автор отзыва заключает, что «По актуальности, объему выполненных исследований, методическому уровню, научной новизне и практической значимости полученных результатов настоящая работа полностью соответствует требованиям п. 9 Положения о присуждении ученых степеней, утвержденного постановлением Правительства Российской Федерации от 24 сентября 2013 г. № 842, ее автор — Иголкина Анна Андреевна, заслуживает присуждения ученой степени кандидата биологических наук по специальности 1.5.8 — «Математическая биология, биоинформатика»».

В отзыве на автореферат Щеголева Сергея Юрьевича, доктора химических наук, ведущего научного сотрудника, профессора Института биохимии и физиологии растений и микроорганизмов — обособленного структурного подразделения ФГБУН Федерального исследовательского центра «Саратовский научный центр РАН» подчеркивается, что «Научная новизна полученных результатов определяется списком идентифицированных новых генетико-географических популяций нута. Разработанными новыми моделями *popdisp* (оценка частот аллелей в популяциях и учет ковариационной связи образцов) и *migadmi* (реконструкция эволюционной истории популяций и учет композиционной природы частот аллелей). Впервые установленной связью между генетическим сходством образцов внутри популяций и географически оптимальным путем их перемещения по ареалу». Автор отзыва также констатирует, что «По актуальности, объему выполненных исследований, методическому уровню, научной новизне и практической значимости полученных результатов, а также по формальным показателям данная работа полностью соответствует требованиям п. 9 Положения о присуждении ученых степеней, утвержденного постановлением Правительства Российской Федерации от 24 сентября 2013 г. № 842, ее автор — Иголкина Анна Андреевна, заслуживает присуждения ученой степени кандидата биологических наук по специальности 1.5.8 — «Математическая биология, биоинформатика»».

В отзыве на автореферат Бурыгина Геннадия Леонидовича, кандидата биологических наук, старшего научного сотрудника лаборатории иммунохимии Института биохимии и физиологии растений и микроорганизмов — обособленного структурного подразделения ФГБУН Федерального исследовательского центра «Саратовский научный центр РАН» помимо высокой оценки работы А.А. Иголкиной присутствует ряд замечаний и вопросов:

1. В разделе 4.1 (стр. 17 автореферата) автор указывает, что 30% образцов коллекции ВИР были исключены из анализа, а по данным таблицы 1 (стр. 19 автореферата) исключено из анализа, в частности, было более 50% Среднеазиатских популяций. Хотелось бы узнать мнение автора на основе разработанных алгоритмов распространения популяций и сделанных в работе выводов об этих исключенных образцах. Являются ли они «истинно староместными»? И что генетическая характеристика исключённых сортов может сказать о развитии возделывания нута?

2. Столь значительное снижение количества проанализированных сортов (более 50 % для некоторых популяций) должно было негативно повлиять на статистическую достоверность полученных результатов. Какие статистические критерии были использованы для разделения на отдельные популяции 1) Ливанской, Турецкой и Южно-Средиземноморской; 2) Индийской и восточной Среднеазиатской; 3) Черноморской и северной Средиземноморской? Достаточно ли количество сортов, проанализированных автором, каждой из этих популяций для утверждения достоверности различий между ними даже с учётом исключённых сортов? Или в работе высказано только гипотеза, которая должна быть подтверждена при исследовании большего количества сортов?
3. Возможно ли по генетическим различиям в староместных сортах нута оценить возраст обособления/происхождения популяций? Происходило ли распространение нута от Атлантики до Индии в исторической или доисторический период? Например, северное побережье Африки и Сардиния (территория южной Средиземноморской популяции) колонизировалось в разное время финикийцами, Византией, арабами и османами. На основании каких результатов автором сделан вывод 2 (стр. 25 автореферата), что южно-Средиземноморская популяция нута произошла от Турецкой популяции, а не от Ливанской или в результате смешения Турецкой и Ливанской популяций?
4. Можно ли утверждать, что западная-Среднеазиатская и Эфиопская популяции, будучи продуктом смешения других популяций, сформировались позже? Возможно ли оценить вклад каждой из родительских популяций в формирования смешанных популяций нута? Происходило ли смешение на базе только «родительских популяций» или с участием местной популяции нута? Каково происхождение локусов, отмеченных на рисунке 5 автореферата серым цветом (например, два последних локуса на хромосоме 4) – собственно Эфиопская дези популяция?

В отзыве сказано, что «Высказанные замечания и вопросы не имеют принципиального значения и нисколько не снижают в целом позитивную оценку диссертационной работы Иголкиной А.А.». «По актуальности, объёму выполненных исследований, методическому уровню, научной новизне и практической значимости полученных результатов настоящая работа полностью соответствует требованиям п. 9 Положения о присуждении ученых степеней, утвержденного постановлением Правительства Российской Федерации от 24 сентября 2013 г. № 842, ее автор — Иголкина Анна Андреевна, заслуживает присуждения ученой степени кандидата биологических наук по специальности 1.5.8 – “Математическая биология, биоинформатика”».

В отзыве на автореферат Петрушина Ивана Сергеевича, кандидата технических наук, доцента кафедры естественнонаучных дисциплин ФГБОУ

высшего образования «Иркутский государственный университет», присутствуют следующие замечания и пожелания:

1. Дополнением к разработанным программам popdisp и migadmi может быть описание границ их применимости и требования к исходным данным.
2. В описании раздела 4.3 (стр.20) возможно отсутствует слово «показало» в последнем предложении.
3. Из-за форматирования страницы подпись рис.1 отображается не полностью.
4. Рекомендую авторам рассмотреть регистрацию программ и моделей в Роспатенте для защиты интеллектуальной собственности.

Далее сказано, что «Перечисленные замечания не снижают качества диссертации в целом, которая заслуживает высокой оценки. Диссертация является завершённой научно-исследовательской работой на актуальную тему. Выводы и рекомендации достаточно обоснованы. Диссертационная работа полностью соответствует требованиям п. 9 «Положения о порядке присуждения ученых степеней», предъявляемым к кандидатским диссертациям, а её автор Иголкина Анна Андреевна заслуживает присуждения ей ученой степени кандидата биологических наук по специальности 1.5.8 — «Математическая биология, биоинформатика»».

В отзыве на автореферат Тиходеева Олега Николаевича, кандидата биологических наук, доцента кафедры генетики и биотехнологии Биологического факультета Санкт-Петербургского государственного университета отмечается: «Полученные результаты существенно уточняют имеющиеся в литературе сведения об эволюционной истории исследуемого вида и представляют несомненный интерес как для селекционеров и генетиков растений, так и для биологов-эволюционистов. Особого внимания заслуживает тот факт, что автором разработаны и протестированы два биоинформационных метода (popdisp и migadmi) для оценки генетической структуры и реконструкции эволюционной истории популяций».

«По актуальности, объёму выполненных исследований, методическому уровню, научной новизне и практической значимости полученных результатов настоящая работа полностью соответствует требованиям п. 9 Положения о присуждении ученых степеней, утвержденного постановлением Правительства Российской Федерации от 24 сентября 2013 г. № 842, ее автор — Иголкина Анна Андреевна, заслуживает присуждения ученой степени кандидата биологических наук по специальности 1.5.8 – «Математическая биология, биоинформатика»».

В отзыве на автореферат Райко Михаила Петровича, кандидата биологических наук, доцента университета ИТМО, руководителя программы «Прикладная геномика» отмечается:

«Работа Иголкиной А.А. ... представляет собой несколько полноценных работ, каждая из которых по отдельности вполне достойна уровня кандидатской диссертации. ... предложенные Анной Андреевной методы найдут своё место в

арсенале любого специалиста в области популяционной генетики, особенно если речь идет о сложных популяциях с несколькими источниками». «По актуальности, объему выполненных исследований, методическому уровню, научной новизне и практической значимости полученных результатов настоящая работа полностью соответствует требованиям п. 9 Положения о присуждении ученых степеней, утвержденного постановлением Правительства Российской Федерации от 24 сентября 2013 г. № 842, ее автор — Иголкина Анна Андреевна, заслуживает присуждения ученой степени кандидата биологических наук по специальности 1.5.8 — «Математическая биология, биоинформатика»».

В отзыве на автореферат Вишняковой М.А., доктора биологических наук, профессора, главного научного сотрудника, руководителя отдела Генетических ресурсов зернобобовых культур ФГБНУ Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. И.И. Вавилова подчеркивается, что «Не смотря на сугубо фундаментальный характер исследования, работа имеет и практический результат для селекции. Это детализированное описание популяционной структуры коллекции нута ВИР, имеющее значение для поддержания генетического разнообразия при получении новых сортов нута, а также характеристические частоты аллелей популяций нута, которые могут быть использованы для определения происхождения образцов и для их комбинирования в рамках селекционных программ.

Автореферат написан четко, аккуратно, логично выстроен. Исследование достойно высокой оценки. Наряду с учеными соответствующей специальности оно будет интересно генетикам, геногеографам, ресурсоведам.

Судя по автореферату, диссертационная работа Иголкиной А.А. полностью соответствует паспорту научной специальности 1.5.8. «Математическая биология, биоинформатика» и всем критериям, установленным в пунктах 9-11, 13, 14 «Положения о порядке присуждения ученых степеней», утвержденного Постановлением Правительства Российской Федерации № 842 от 24 сентября 2013 г. (с изменениями от 21.04.2016, Постановление Правительства Российской Федерации № 335), предъявляемым к диссертациям на соискание ученой степени кандидата наук, а ее автор Иголкина А.А. заслуживает присуждения ее степени кандидата биологических наук по Специальности 1.5.8 — «Математическая биология, биоинформатика».

Диссертационный совет отмечает, что на основании выполненных соискателем исследований впервые:

– идентифицированы новые генетико-географические популяции нута: Ливанская, западно-Среднеазиатская, а также две отдельные Средиземноморские популяции – северобережная и южнобережная.

- разработана модель – popdisp – для оценки частот аллелей в популяциях, использующая теорию анализа композиционных данных и позволяющая учитывать ковариационную связь образцов в популяции.
- разработана модель – migadmi – для реконструкции эволюционной истории популяций, способная моделировать множественные и вложенные события смешения, а также учитывающая композиционную природу частот аллелей.
- продемонстрирована связь между генетическим сходством образцов внутри популяций и географически оптимальным путем перемещения популяций по ареалу.
- определено происхождение двух смешанных популяций нута дези (Эфиопской и западно-Среднеазиатской), а также установлено происхождение нута кабули. Кроме того, предложены гипотезы о торговых путях, которые могли способствовать формированию этих смешанных популяций.

Теоретическую значимость исследования определяют:

- Аппроксимация модели Райта-Фишера в терминах композиционного анализа данных.
- Байесовская иерархическая модель для оценки характеристических частот аллелей в популяции, учитывающая ковариационную матрицу связей между образцами. Расширение модели на случай многоаллельных генетических маркеров.
- Формула преобразования матрицы расстояний между образцами в ковариационную матрицу с учетом репрезентативного центра популяции.
- Параметризация события смешения нескольких популяций, позволяющая смешанной популяции обладать собственной дисперсией после события смешения.
- Модели смешения популяций с использованием композиционного представления частот аллелей.

Значение полученных соискателем результатов для практики подтверждается тем, что

- в открытый доступ на платформе GitHub: github.com/iganna/popdisp предоставлен программный код модели popdisp;
- в открытый доступ на платформе GitHub: github.com/iganna/migadmi предоставлен программный код модели migadmi;
- более детальное описание популяционной структуры коллекции нута ВИР, имеет сельскохозяйственное значение для поддержания генетического разнообразия при разработке новых сортов нута;
- характеристические частоты аллелей популяций нута могут быть использованы для определения происхождения образцов в рамках селекционных программ.
- установлено смешанное происхождение некоторых популяций дези, что указывает на существование двух древних, независимых торговых путей из Ближневосточного региона (включая Ливан, Турцию, Южно-Черноморский регион и Плодородный полумесяц) в Эфиопию. Этот результат позволяет

выдвигать гипотезы, которые могут быть применены при анализе разнообразия и определении центров доместикации других культурных растений.

Достоверность результатов исследования:

Результаты, полученные в работе, для популяций нута согласуются с ранее опубликованными, археологическими находками и не противоречат, а скорее уточняют данные генетического анализа, проведенного на других панелях образцов нута. Несмотря на различия в результатах программ TreeMix, MixMapper и ADMIXTOOLS, программа migadmi показала результаты, согласующиеся с большинством из них. Надежность работы программ popdisp и migadmi обеспечивается детальным тестированием на симулированных данных.

Личный вклад соискателя заключался в участии в процессе формулирования цели исследования, а также в определении конкретных задач, необходимых для ее достижения. Автор лично предложил и аналитически построил композиционную аппроксимацию модели Райта-Фишера, разработал и программно реализовал новые методы popdisp и migadmi, разработал схему для симуляции данных и провел тестирование разработанных программных пакетов. Автор самостоятельно провел анализ генетических данных панели нута из коллекции ВИР и определил генетически однородные и географически связанные популяции нута. Автором единолично были составлены матрицы географических расстояний между координатами точек сбора образцов, применены как новые разработанные, так и существующие модели к данным по нуту, а также проанализированы полученные пути происхождения популяций нута. Все рисунки, незаимствованные из опубликованных источников, выполнены автором лично.

По своему содержанию диссертация отвечает паспорту специальности «1.5.8. — Математическая биология, биоинформатика».

Диссертационный совет пришел к выводу о том, что диссертация представляет собой завершенное научное исследование. По актуальности, новизне, практической значимости диссертация соответствует требованиям, установленным «Положением о порядке присуждения ученых степеней» утвержденным постановлением Правительства Российской Федерации от 24 сентября 2013 года № 842 (с изменениями в редакции Постановления Правительства Российской Федерации от 21 апреля, 2 августа 2016 г., 29 мая, 28 августа 2017 г., 1 октября 2018 г., 20 марта, 11 сентября 2021 г.), предъявляемым к диссертациям на соискание ученой степени кандидата биологических наук.

На заседании 29 сентября 2025 года диссертационный совет принял решение присудить Иголкиной Анне Андреевне ученую степень кандидата биологических наук по специальности 1.5.8 — «Математическая биология, биоинформатика».

Председатель диссертационного совета 24.1.101.01,
доктор биологических наук, профессор

М.С. Гельфанд

Ученый секретарь диссертационного совета 24.1.101.01,
доктор биологических наук

О.В. Казенников