

ОТЗЫВ официального оппонента

на диссертацию Клименко Александры Игоревны

«Компьютерное моделирование генетической изменчивости в пространственно-распределённых микробных сообществах», представленную на соискание ученой степени кандидата биологических наук по специальности 03.01.09 – «Математическая биология, биоинформатика»

Актуальность Диссертационная работа Клименко А.И. посвящена теоретическому исследованию влияния пространственных факторов на процессы генетической изменчивости в сообществах микробов. Микробные сообщества являются тесно взаимосвязанными системами, содержащими в себе различные группы микроорганизмов, взаимосвязанных на экологическом и популяционном уровнях. Современные исследования в области популяционной генетики пространственно-распределённых биологических систем показывают важность пространственной организации среды обитания и популяционной структуры на эволюцию и функционирование микробных сообществ. Стоит отметить, что такая гетерогенная природа значительно осложняет анализ их структурно-функциональной организации, а также процессов, протекающих в сообществах. Тем не менее в настоящее время в мире разработан большой арсенал методов и программ для компьютерного моделирования как отдельных клеток, так и целых сообществ. Однако большинство этих методов фокусируются на описании одного-двух уровней биологической организации, что затрудняет комплексное теоретическое исследование микробных сообществ. Ввиду вышесказанного данная тема является актуальной для современной микробиологии и экологии микробных сообществ.

Обзор литературы Адекватно характеризует контекст современных исследований в области эволюции и экологии бактериальных сообществ, а также содержит достаточно подробное описание спектра методов и соответствующих результатов в области моделирования микробных сообществ. Обзор хорошо и интересно написан, хотя и не лишен некоторых недостатков (см. соответствующий раздел ниже), главный из которых состоит в том, что определения терминов, которые широко используются в обзоре, приводятся в методическом разделе, и в случаях, когда их толкование отличается от широко распространенного, эти различия никак и нигде не комментируются.

Результаты Результаты диссертации соискательницы значимы для науки и практики. Так, представленные модели, позволяющие предсказывать экологическую структуру сообщества, формирующегося из определенного набора исходных микробных популяций, могут быть использованы при решении задач проектирования экосистем и комплексной биоремедиации. Кроме того, созданный программный комплекс «Гаплоидный эволюционный конструктор 3D» может быть использован для расчета динамик сложносоставных биореакторов, применяемых в биотехнологических целях. В тексте работы тщательно описаны результаты, обосновывающие сформулированные научные положения и выводы.

Впервые разработана методика моделирования и программные средства, которые позволяют моделировать эволюцию бактериальных сообществ с учетом как факторов пространственного распределения, так и генетической изменчивости, принимая во внимание различные уровни биологической организации от генетического до экологического уровня, направление и интенсивность отбора, влияние структу-

рированности среды обитания, градиентов экологических факторов и подвижности клеток на функционирование и развитие микробных сообществ.

Таким образом, сформулированные в диссертационной работе научные положения и выводы достаточно обоснованы, их достоверность и новизна не вызывает сомнений. Диссертация Клименко А.И. полностью соответствует критериям, установленным положением о порядке присуждения ученых степеней.

Общие замечания по диссертационной работе

1. В работе присутствуют случаи небрежности в терминологии. Так, на стр.5 автор причислила вирусов к прокариотам, без всяких оговорок термин «популяция» на протяжении всей работы применяется к организмам, размножающимся половым путем, использованы излишне поэтичные выражения вроде «ландшафт давления отбора» или просто неудачные выражения («циклы превращения элементов»);
2. Термин «сообщество» широко используется в экологии, где принято определять сообщества по доминирующим видам и основаниями для их выделения являются распространенность и устойчивость состава. В работе этот термин используется в несколько измененном смысле, и отсутствие обсуждения различий затрудняет понимание работы и оценку результатов
3. Недостатком, на мой взгляд, является то обстоятельство, что несмотря на то, что большая доля обсуждения посвящена исследованиям изменений генетического разнообразия на протяжении численных экспериментов, не вычленились никакие из метрик этой характеристики

Отмеченные недостатки никак не влияют на основной вывод отзыва:

Диссертация является законченным исследованием, выполненным автором самостоятельно на высоком научном уровне. Полученные автором результаты достоверны, выводы и заключения обоснованы. По работе сделаны ясные выводы, соответствующие поставленным задачам. Автореферат полностью соответствует основному содержанию диссертации.

Таким образом, из вышесказанного можно сделать вывод о том, что работа А.И. Клименко «Компьютерное моделирование генетической изменчивости в пространственно-распределённых микробных сообществах», представленная на соискание ученой степени кандидата биологических наук, является законченным самостоятельным исследованием, которое по актуальности, объему и новизне, а также по степени опубликованности основных результатов отвечает требованиям соответствующего пункта «Положения о порядке присуждения ученых степеней ВАК РФ», утвержденным Постановлением Правительства Российской Федерации от 24 сентября 2013 №842, а её автор заслуживает присуждения искомой степени кандидата биологических наук по специальности 03.01.09 – «Математическая биология, биоинформатика».

д.б.н., заведующий лабораторией геносистематики
Лимнологического института СО РАН,
664033 Иркутск, ул. Улан-Баторская 3,
тел. (3952) 42-29-23, Электронная почта: sherb@lin.irk.ru

28 февраля 2018 г.



Д.Ю. Щербаков

Подпись заведующего лабораторией, д.б.н. Щербакова
и.о. ученого секретаря ЛИИ СО РАН к.б.н. Максимов

