

## ОТЗЫВ НА АВТОРЕФЕРАТ

Диссертации Розанова Алексей Сергеевича  
«Биоразнообразии микробиологических геотермальных сообществ прибайкалья и  
камчатки – перспективных источников бактерий-продуцентов ферментов  
деструкции лигноцеллюлозы» представленной на соискание ученой степени  
кандидата биологических наук по специальности 03.02.07 – генетика

Термофильные микроорганизмы представляют одну из наиболее древних форм жизни на земле, поэтому исследование их является фундаментальной задачей современной биологии. Диссертация А.С. Розанова посвящена исследованию экологии термофильных микроорганизмов, а также поиску новых термостабильных ферментов деструкторов лигноцеллюлозы. Объектами исследования были микробные маты термальных источников Гаргинского (Прибайкалье) и «Заварзин» (Камчатка). Для достижения поставленной в работе цели использован набор адекватных современных микробиологические, генетические и молекулярно-биологические методы. В частности, для исследования таксономической состава микробных сообществ были использованы подходы на основе высокопроизводительного секвенирования фрагментов генов 16S рРНК.

В работе установлено, что в микробном мате источника «Заварзин» большинство микроорганизмов способны использовать серу в качестве акцептора электронов, а доминируют бактерии филумов *Caldiserica* и *Dictyoglomi*. На основании полученных данных таксономического состава фототрофных микробных сообщества источника «Гаргинского» была осуществлена реконструкция метаболизма сообщества в целом. Несомненно важным результатом является выделение новых микроорганизмов родов *Geobacillus*, *Anoxybacillus* и *Thermoactinomyces* из микробных матов донных отложений Камчатки и Прибайкалья. Важное фундаментальное и практическое значение имеет выделение и характеристика новых термостабильных ферментов эндо-1,4-β-ксилазазы и ксилан-1,4-β-ксилозидазы из *G. stearothermophilus* VKPM B-11678.

Сделанные в работе вывод обоснованы и логично вытекают из результатов исследования. Результаты работы опубликованы в ведущих журналах, а также представлены на российских и международных конференциях, что свидетельствует о значимости полученных результатов.

Среди замечаний стоит отметить, что список публикаций составлен явно на скорую руку и не везде можно разобрать в каких журналах публикация выходные, а также выходные данные статьи.

Тем не менее считаю, что диссертационная работа полностью соответствует требованиям ВАК РФ предъявляемым к кандидатским диссертациям по специальности 03.02.07 – генетика, а автор работы А.С. Розанов, заслуживает присуждения степени кандидата биологических наук



Доктор биологических наук,  
Ведущий научный сотрудник,  
Центра «Биоинженерия» РАН

*Горюхов*

*Марданов*

А.В. Марданов.

*Марданова А.В. заверено*

ЗАМ. НАЧАЛЬНИКА  
ОТДЕЛА КАДРОВ  
И.Н. Шиян

*Шиян*

СВЕДЕНИЯ

О Марданове Андрее Владимировиче, приславшем отзыв на автореферат кандидатской диссертации Розанова Алексей Сергеевича «БИОРАЗНООБРАЗИЕ МИКРОБИОЛОГИЧЕСКИХ ГЕОТЕРМАЛЬНЫХ СООБЩЕСТВ ПРИБАЙКАЛЯ И КАМЧАТКИ - ПЕРСПЕКТИВНЫХ ИСТОЧНИКОВ БАКТЕРИЙ-ПРОДУЦЕНТОВ ФЕРМЕНТОВ ДЕСТРУКЦИИ ЛИГНОЦЕЛЛЮЛОЗЫ»

Фамилия, имя, отчество	Гражданство	Место основной работы, должность	Шифр специальности в совете	Основные научные труды по теме диссертации
Марданов Андрей Владимирович	Российская Федерация	Доктор биологических наук (специальность 03.01.03 – молекулярная биология), ведущий научный сотрудник лаборатории систем молекулярного клонирования Федерального государственного бюджетного учреждения науки Центра «Биоинженерия» Российской академии наук	03.01.03 – молекулярная биология (Биологические науки)	<p>1. Mardanov A.V., Gumerov V.M., Slobodkina G.B., Beletsky A.V., Bonch-Osmolovskaya E.A., Ravin N.V., Skryabin K.G. (2012) Complete genome sequence of strain 1860, a crenarchaeon of the genus <i>Pyrobaculum</i> able to grow with various electron acceptors. <i>J. Bacteriol.</i> 194(3), 727-728.</p> <p>2. Kadnikov V.V., Mardanov A.V., Podosokorskaya O.A., Gavrilov S.N., Kublanov I.V., Beletsky A.V., Bonch-Osmolovskaya E.A., Ravin N.V. (2013) Genomic analysis of <i>Melioribacter roseus</i>, facultatively anaerobic organotrophic bacterium representing a novel deep lineage within Bacterioidetes/Chlorobi group. <i>PLoS One.</i> 8(1), e53047.</p> <p>3. Ilina E.N., Shitikov E.A., Ikrayannikova L.N., Alekseev D.G., Kamashhev D.E., Malakhova M.V., Parfenova T.V., Afanas'ev M.V., Ischenko D.S., Bazaleev N.A., Smirnova T.G., Larionova E.E., Chernousova L.N., Beletsky A.V., Mardanov A.V., Ravin N.V., Skryabin K.G., Govorun V.M. (2013) Comparative genomic analysis of <i>Mycobacterium tuberculosis</i> drug resistant strains from Russia. <i>PLoS One.</i> 8(2), e56577.</p> <p>4. Sorokin DY, Gumerov VM, Rakitin AL, Beletsky AV, Damsté JS, Muyzer G, Mardanov AV, Ravin NV. (2013) Genome analysis of <i>Chitinivibrio alkaliphilus</i> gen. nov., sp. nov., a novel extremely haloalkaliphilic anaerobic</p>



