

ФЕДЕРАЛЬНОЕ ГОСУДАРСТВЕННОЕ  
БЮДЖЕТНОЕ УЧРЕЖДЕНИЕ НАУКИ

**ИНСТИТУТ  
МОЛЕКУЛЯРНОЙ И КЛЕТОЧНОЙ  
БИОЛОГИИ**

СИБИРСКОГО ОТДЕЛЕНИЯ  
РОССИЙСКОЙ АКАДЕМИИ НАУК  
(ИМКБ СО РАН)

пр. Академика Лаврентьева, д. 8/2, Новосибирск, 630090  
телефон (383) 3639042, факс (383) 3639078  
e-mail: [info@mcb.nsc.ru](mailto:info@mcb.nsc.ru)  
<http://www.mcb.nsc.ru>  
ОКПО 30781167, ОГРН 1115476157070,  
ИНН / КПП 5408291757 / 540801001

№ 15318 -  
На № \_\_\_\_\_ от \_\_\_\_\_

### ОТЗЫВ

на автореферат диссертации Устьянцева Кирилла Валерьевича  
“ Функциональная и структурная конвергенция ретротранспозонов с  
дополнительным доменом рибонуклеазы H в геномах растений и оомицетов ”  
представленной на соискание ученой степени кандидата биологических  
наук по специальности 03.02.07 – генетика

Исследования ретротранспозонов и механизмов их коэволюции с геномами хозяев составляют актуальный раздел молекулярной эволюции ввиду всеобщей распространенности этих мобильных элементов. Диссертация Устьянцева К. В. посвящена изучению эволюционных взаимоотношений ретротранспозонов из геномов зеленых растений и паразитических простейших группы оомицетов на примере структурно сходных ретроэлементов, содержащих домен "архейной" рибонуклеазы H (aRNH). Ответ на вопрос о зависимом или независимом происхождении этого домена у двух столь удаленных таксонов далеко не очевиден ввиду их экологической близости и возможности горизонтального переноса.

Для решения поставленных задач автор, пользуясь современными инструментами биоинформатики, провел компьютерный поиск и анализ ретротранспозонов с "архейным" дополнительным доменом рибонуклеазы H в 65 геномах растений и 25 геномах оомицетов. Большая выборка разнообразных прочитанных геномных последовательностей как растений, так и оомицетов, а также число непосредственно выявленных ретротранспозонов позволяют сложить из полученных данных цельную картину эволюции содержащих aRNH домен как LTR, так и non-LTR-ретротранспозонов в указанных таксонах.

В ходе поиска были описаны две новые группы Ty3/gypsy LTR-ретротранспозонов в геномах оомицетов, а также впервые найден домен "архейной" рибонуклеазы H у L1 non-LTR-ретротранспозонов оомицетов и Tat LTR-ретротранспозонов растений. Проведенный филогенетический анализ дает однозначный ответ о конвергентном характере происхождения aRNH домена и его дальнейшей эволюции у ретроэлементов растений и оомицетов. Весьма интересными оказались данные сравнительного анализа последовательностей доменов рибонуклеазы H растений и оомицетов с RNH-последовательностями ретровирусов позвоночных, говорящие о несомненном конвергентном сходстве их эволюции. Полученные результаты в целом расширяют представление о модульной эволюции ретротранспозонов и говорят о значимой роли конвергенции в формировании известного в настоящий момент структурного разнообразия данных мобильных элементов.


В целом работа выполнена на современном теоретическом уровне, виден творческий подход автора к решению поставленных задач. Все выводы хорошо обоснованы с использованием качественного фактического материала, представленного в виде большого количества независимо прочитанных геномных последовательностей. Новые результаты, полученные в диссертационной работе Устьянцева К. В., безусловно, представляют интерес для эволюционной биологии. Работа соответствует требованиям ВАК к кандидатским диссертациям, а ее автор, Устьянцев Кирилл Валерьевич, достоин присуждения степени кандидата биологических наук.

12.03.2018.

С.н.с. Лаборатории иммуногенетики ИМКБ СОРАН



Чикаев Н.А.

Федеральное государственное бюджетное учреждение науки	
Институт молекулярной и клеточной биологии	
Сибирского отделения Российской академии наук	
Подпись	
Ученый секретарь	З.А. ВЕРЯЮ
13	03 2018 г.