

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.

В настоящее время не вызывает сомнения, что мобильные генетические элементы являются важным фактором, влияющим на организацию, функционирование и эволюцию геномов. К одному из многочисленных и широко распространенных классов мобильных элементов относят ретротранспозоны, общей чертой которых является наличие обратной транскриптазы. Остальные функциональные домены, входящие в полипротеин ретротранспозона, значительно различаются между разнообразными группами ретротранспозонов и, по-видимому, имеют собственную, независимую от домена обратной транскриптазы, эволюционную историю, детали которой еще во многом не ясны. В частности, крайне мало известно об одном из наиболее часто приобретаемых и теряющихся в эволюции ретроэлементов домене рибонуклеазы H. В связи с этим, работа Устьянцева К.В. по выявлению возможных путей эволюции ретротранспозонов с «архейным» доменом рибонуклеазы H в геномах растений и оомицетов и определению функциональной значимости данного домена для жизненного цикла этих ретротранспозонов, является актуальной и востребованной.

Знакомство с авторефератом диссертации Устьянцева К.В., в целом, оставляет хорошее впечатление об исследовании, выполненном на современном уровне биоинформационного и филогенетического анализа. Чётко сформулированы цель и задачи работы, научная новизна полученных результатов не вызывают сомнений.

Автору удалось получить новые интересные данные. Так, им впервые проведен широкомасштабный биоинформационный поиск и детальный анализ доменной структуры генов *pol* и филогенетический анализ доменов обратной транскриптазы ретротранспозонов, содержащих домен из «архейной» группы рибонуклеаз H, в 65 геномах растений и 25 геномах оомицетов. В результате было выявлено пять эволюционных кластеров ретротранспозонов, содержащих домен «архейной» рибонуклеазы H, и впервые охарактеризована организация данного домена у LTR-ретротранспозонов растений из группы *Ty3/Gypsy* кластера *Tat*, а также у двух ранее неизвестных кластеров *Ty3/Gypsy* LTR-ретротранспозонов и кластера *L1* non-LTR-ретротранспозонов у оомицетов. В результате Устьянцевым К.В. было сделано обоснованное предположение о независимом приобретении домена «архейной» рибонуклеазы H в выявленных группах ретротранспозонов растений и оомицетов, которое не подтверждает ранее высказанную гипотезу одиночного возникновения данного домена и горизонтального переноса предкового ретротранспозона между растениями и оомицетами. Последующий сравнительный анализ домена «архейной» рибонуклеазы H и исходного домена рибонуклеазы H в элементах кластеров *Tat* IV-VI растений и *Chronos* и *Archon* оомицетов позволил автору сделать вывод о том, что они образуют структуру, сходную с доменом «двойной» рибонуклеазы H ретровирусов позвоночных. Данное сходство и очевидная филогенетическая удаленность *Ty3/Gypsy* LTR-ретротранспозонов от ретровирусов позвоночных также позволяют предположить

их конвергентную эволюцию. Кроме того, в работе показано, что LTR-ретротранспозоны оомицетов из кластера *Chronos*, помимо домена «архейной» рибонуклеазы H, приобрели хромодомен, аналогично другому широкому кластеру группы *Ty3/Gypsy* хромовирусов из геномов грибов, позвоночных и растений, что позволило автору выдвинуть интересное предположение о возможном адаптационном значении комбинации этих доменов, приводящей к гетерохроматин-специфичной интеграции ретропозонов и, таким образом, снижению ущерба геному при их перемещениях.

Выводы работы сформулированы корректно и соответствуют поставленным задачам.

Актуальность работы Устьянцева К.В. несомненна, поскольку полученные результаты расширяют представление о роли конвергенции в эволюции ретропозонов и создают основу для проведения исследований по выявлению новых групп ретроэлементов с доменными структурами и сравнительному анализу особенностей их функционирования. Кроме того, разработанный в данной работе алгоритм поиска новых групп ретропозонов с доменом «архейной» рибонуклеазы H может быть применен для идентификации групп ретропозонов с другими доменами и на новых геномных данных.

Принципиальных замечаний по работе нет. В автореферате имеются отдельные опечатки, которые не снижают ценность и значимость работы.

Основные результаты работы отражены в 2 публикациях в международных реферируемых научных изданиях и апробирована на 2 международных научных конференциях и симпозиумах, где получили высокую оценку.

Судя по автореферату и содержанию публикаций по теме работы, можно заключить, что диссертация Устьянцева Кирилла Валерьевича «Функциональная и структурная конвергенция ретропозонов с дополнительным доменом рибонуклеазы H в геномах растений и оомицетов», соответствует критериям, предъявляемым к диссертациям на соискание учёной степени кандидата биологических наук, в соответствии с п. 9 «Положения о порядке присуждения учёных степеней», утвержденного Постановлением Правительства РФ № 842 от 24 сентября 2013 г., а её автор заслуживает присвоения искомой степени по специальности 03.02.07 – «генетика».

Заведующий лабораторией
хромосомной инженерии
Института молекулярной и клеточной
биологии Сибирского отделения
Российской академии наук (ИМКБ СО РАН),
д.б.н. по специальности 03.02.07 «генетика»
demakov@mcb.nsc.ru

 Демаков С.А.

8-913-903-3724

630090, г.Новосибирск, пр-кт Лаврентьева, д.8/2



Федеральное государственное бюджетное учреждение науки Институт молекулярной и клеточной биологии Сибирского отделения Российской академии наук
Подпись: 
Зав. канцелярией: 
«05» 03 2018 г.