

ФЕДЕРАЛЬНОЕ ГОСУДАРСТВЕННОЕ БЮДЖЕТНОЕ
УЧРЕЖДЕНИЕ НАУКИ

ЦЕНТРАЛЬНЫЙ СИБИРСКИЙ
БОТАНИЧЕСКИЙ САД
СИБИРСКОГО ОТДЕЛЕНИЯ
РОССИЙСКОЙ АКАДЕМИИ
НАУК
(ЦСБС СО РАН)

ул. Золотодолинская, д. 101, Новосибирск, 630090
Для телеграмм: Новосибирск – 90, «Ботсад»
Факс (383) 330-19-86
Телефон (383) 330-41-01
E-mail: botgard@ngs.ru
http://www.csbg.nsc.ru

«УТВЕРЖДАЮ»

Директор ЦСБС СО РАН

д.б.н. Е.В. Банасев



« 24 »

Е.В. Банасев

2018 г.

27.02.2018 № 15344- 01/29-2171

На № _____ от _____

ОТЗЫВ

ведущей организации - ФБГУ Центральный сибирский ботанический сад Сибирского отделения Российской академии наук на диссертационную работу Устьянцева Кирилла Валерьевича **«Функциональная и структурная конвергенция ретротранспозонов с дополнительным доменом рибонуклеазы Н в геномах растений и оомицетов»**, представленную на соискание ученой степени кандидата биологических наук по специальности 03.02.07 – «Генетика»

Актуальность.

Диссертационная работа Устьянцева К. В. посвящена исследованию эволюции мобильных генетических элементов класса ретротранспозонов, у которых присутствует дополнительный домен рибонуклеазы Н из «архейной» филогенетической группы, в геномах зеленых растений и паразитических простейших таксона оомицетов.

В настоящий момент не вызывает сомнения роль мобильных элементов, исходно открытых в генетических исследованиях на кукурузе, как важных регуляторов структуры и функционирования геномов эукариот. Генетическая изменчивость, вызываемая перемещением и размножением мобильных элементов, предоставляет богатый материал для естественного отбора и эволюции. Ретротранспозоны составляют обширный класс мобильных элементов, перемещающихся по механизму «копирования и вставки», что позволяет им в значительной степени превосходить число копий каких-либо других генов в несущем их геноме-хозяине. Так, в геномах некоторых зеленых растений доля ретротранспозонов может занимать больше половины от размера всего генома.

Среди оомицетов известно большое количество видов, паразитирующих на хозяйственно-значимых видах зеленых растений. Таким образом, диссертационная работа направлена на решение важной задачи: изучение возможности влияния тесной экологической связи паразит-хозяин на разнообразие и эволюцию редких

ретротранспозонов с дополнительным доменом рибонуклеазы H, найденных и в геномах растений, и в геномах оомицетов.

Научная новизна и практическая ценность.

Фундаментальным значением обладают новые данные о структурном и эволюционном разнообразии ретроинвертированных ретротранспозонов с «архейным» доменом рибонуклеазы H в геномах растений и оомицетов. Результаты работы расширяют представление о роли структурной конвергенции ретроинвертированных ретротранспозонов как результата приспособления к сходной нише и механизму перемещения внутри. Присутствие/отсутствие отдельных групп ретроинвертированных ретротранспозонов, открытых в данной работе, может служить дополнительным маркером для сравнительной популяционной генетики и таксономии. Алгоритм компьютерного анализа, разработанный и примененный в диссертации, может быть использован для поиска новых ретроинвертированных ретротранспозонов в других неисследованных геномах.

Общая характеристика диссертационной работы.

Структура диссертации Устьянцева К. В. соответствует классической схеме и состоит из разделов: введения, обзора литературы, используемых методов, результатов и их обсуждения, заключения, выводов и списка литературы. Полный текст работы, включая приложения и список литературы, изложен на 105 страницах. Работа содержит 20 рисунков (из них 3 - в приложении) и 4 таблицы (из них 2 - в приложении). Прочитано 173 работы.

В введении работы автор раскрывает её актуальность, знакомит с объектом исследования, а также формулирует цель и три задачи работы.

Глава 1. В обзоре литературы достаточно информативно раскрывается история исследований мобильных элементов и механизмов их влияния на геном. Дается подробное описание механизмов перемещения двух основных групп ретроинвертированных ретротранспозонов, а также структурное и эволюционное разнообразие составляющих их элементов. Раскрывается понятие модульной эволюции и её связи со структурной и функциональной конвергенцией у ретроинвертированных ретротранспозонов, вирусов и других мобильных элементов. Наконец, в деталях рассказывается о функциональной роли домена рибонуклеазы H для механизма перемещения различных групп ретроинвертированных ретротранспозонов и о известных случаях приобретения и потери данного домена отдельными группами ретроэлементов. Раскрывается понятие «архейной» рибонуклеазы H и описываются группы ретроинвертированных ретротранспозонов растений и оомицетов, для которых было показано наличие данного домена. Стоит отметить важность замечания автора о текущих, основанных на филогении, представлениях о таксономическом положении оомицетов.

Глава 2. Материалы и методы. В главе в подробностях описан алгоритм биоинформационной идентификации последовательностей ретроинвертированных ретротранспозонов с «архейным» доменом рибонуклеазы H в геномных последовательностях, а также инструменты для дальнейшего анализа их доменной структуры и филогенетического анализа.

Глава 3. Автор выбрал возможный формат «Результаты и обсуждения», что позволило ему давать интерпретацию результатов сразу же на месте их представления. Данный факт облегчает более целостное восприятие результатов. Полученные результаты соответствуют поставленным задачам. Описывается разнообразие, распространение, эволюция, а также доменная структура

ретротранспозонов с «архейным» доменом рибонуклеазы H, найденных в базе данных Repbase, а также у 65 и 25 исследованных полноразмерных геномных последовательностей растений и оомицетов, с описанием как известных, так и новых групп LTR- и non-LTR-ретротранспозонов. Через филогенетический анализ генов и доменов рибонуклеазы H, полученных из различных источников, автор строит гипотезы происхождения домена «архейной» рибонуклеазы H у ретротранспозонов растений и оомицетов. Анализ структуры доменов «архейной» рибонуклеазы H позволил сделать вывод о их функциональной роли для LTR-ретротранспозонов из геномов растений и оомицетов, проводя параллели с эволюцией ретровирусов позвоночных животных.

В заключении работы еще раз сжато суммируются полученные результаты, плавно подводя к выводам. Сами выводы сформулированы четко и соответствуют поставленной цели и задачам работы. Основной вывод данной диссертации состоит в том, что наблюдаемое сходное структурное разнообразие ретротранспозонов растений и оомицетов объясняется не общностью их происхождения от ближайшего общего предка, а конвергентной эволюцией к единому структурно-функциональному фенотипу, вызванному давлением естественного отбора на жизненный цикл ретротранспозонов.

Подробность написания работы и достаточный иллюстративный материал оставляют хорошее впечатление после прочтения. Материалы 2 статей, опубликованных в зарубежных научных журналах (*Molecular biology and evolution* и *Mobile DNA*), и текста автореферата полностью отражают содержание данной диссертационной работы. Результаты диссертационной работы Устьянцева К. В. также прошли апробацию на одной российской и одной международной конференциях.

В работе встречаются несколько незначительных недочетов редакторского характера. Например, при первом употреблении латинских названий растений следует указывать авторов таксонов. Непонятно, почему в списке литературы, ранжированном в алфавитном порядке, первые три публикации, которые должны быть в середине и конце списка (Steinbauerová et al., 2011), (Smyshlyaev et al., 2013) и (Xiong & Eickbush, 1990), расположены в самом начале. Выглядит избыточной нумерация публикаций списка литературы, когда цитирование в тексте идет по фамилиям. Размер шрифта названий таксонов на рисунках с филогенетическими деревьями: рисунок 14, приложения 3 и 4 мог бы быть и больше в печатной версии диссертации, хотя эта проблема легко решается чтением электронной PDF-версии. В тексте домены рибонуклеазы H обозначены как «RNH», тогда как на рисунках 1, 5, 11 и 13 используется сокращение «RH», и только на рисунке 12 использовано «RNH». Тем не менее, все приведенные недочеты никак не снижают общего положительного впечатления о данной диссертационной работе и не влияют на правильность восприятия результатов.

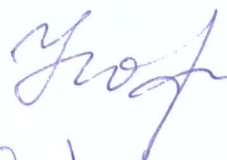
Заключение

Диссертационная работа Устьянцева К. В. «Функциональная и структурная конвергенция ретротранспозонов с дополнительным доменом рибонуклеазы H в геномах растений и оомицетов» представляет собой законченное и оригинальное исследование, в котором были получены новые и значимые данные. Диссертация полностью соответствует требованиям ВАК к кандидатским диссертациям, автор

диссертации, Устьянцев Кирилл Валерьевич, несомненно, заслуживает присуждения ему ступени кандидата биологических наук по специальности 03.02.07 – «Генетика».

Заключение принято на заседании лаборатории интродукции редких и исчезающих видов растений и лаборатории биотехнологии ФГБУН ЦСБС СО РАН. Присутствовало 16 человек. Результаты голосования: "за" - 16 чел., "против" - 0 чел., воздержались - 0 чел. Протокол № 10 от 06.02.2018 г.

Председатель семинара
зав. лаб. биотехнологии
д.б.н.



Т.И. Новикова

Ведущий научный сотрудник
лаб. интродукции редких и исчезающих
видов растений, д.б.н.



А.В. Агафонов

Научный сотрудник лаб. интродукции
редких и исчезающих видов растений, к.б.н.



Н.С. Нуждина