

ОТЗЫВ официального оппонента

на диссертацию Устьянцева Кирилла Валерьевича

«Функциональная и структурная конвергенция ретротранспозонов с дополнительным доменом рибонуклеазы H в геномах растений и оомицетов», представленную на соискание ученой степени кандидата биологических наук по специальности 03.02.07 – «генетика»

Актуальность Диссертационная работа К.В. Устьянцева «Функциональная и структурная конвергенция ретротранспозонов с дополнительным доменом рибонуклеазы H в геномах растений и оомицетов» посвящена актуальной теме – выявлению путей эволюции ретротранспозонов с «архейным» доменом рибонуклеазы H из геномов растений и оомицетов с определением функциональной значимости приобретения данного домена для жизненного цикла этих ретротранспозонов. Поскольку мобильные элементы считаются важными факторами регуляции и эволюции геномов, а также одними из наиболее вероятных векторов горизонтального переноса генов, работа, в которой удалось сделать выбор между гипотезой о горизонтальном переносе ретротранспозона с редкой доменной структурой между экологически тесно связанными но филогенетически далёкими группами организмов и гипотезой о независимом проникновении этих транспозонов, без сомнения актуальна.

Структура диссертации Диссертация имеет традиционную структуру, она состоит из введения, обзора литературы, материалов и методов, результатов и обсуждений, заключения, выводов и списка литературы. Работа изложена на 105 страницах, содержит 20 рисунков и 4 таблицы. Поскольку работа носит теоретический характер, следует отметить, что соблюдение этой структуры, очевидно, потребовало от автора определённых усилий.

Введение посвящено обоснованию проблемы, которой посвящена диссертация, и задач, которые были поставлены для её решения, а также общей характеристике работы.

Обзор литературы Литературный обзор достаточно подробен, хорошо написан и даёт хорошее представление о современном состоянии исследований структуры и эволюции ретротранспозонов. В целом он хорошо описывает контекст, в котором выполнено исследование К.В. Устьянцева.

Материалы и методы . Раздел посвящен описанию методов поиска последовательностей, содержащих сигналы aRNH, выравниванию полученных последовательностей и филогенетическому анализу. Используемые методы адекватны, методы филогенетического анализа не выходят за пределы общепринятого минимума. Наиболее сложной частью работы был, очевидно, поиск и выравнивание весьма далеких друг от друга полипептидных цепей.

Результаты и обсуждение Эта глава структурирована в соответствии с задачами, поставленными в диссертации и соответственно - в соответствии с выводами работы.

К.В. Устьянцевым исследованы ретротранспозоны, содержащие домен «архейной» рибонуклеазы H у тесно связанных экологически растений и оомицетов. Показано, что они разбиваются на пять групп, у оомицетов они существенно разнообразнее. В данной работе впервые были найдены домены «архейной» рибонуклеазы H у *Tat* LTR-ретротранспозонов растений и *L1* non-LTR-ретротранспозонов оомицетов, а элементы кластеров *Chronos* и *Archon* – в геномах геномов оомицетов. Они были весьма подробно охарактеризованы в данной работе. На основании высокой степени сходства структурной организации ретроэлементов растений и оомицетов, несмотря на их филогенетическую удаленность, была выдвинута гипотеза о конвергентной эволюции исследованных групп LTR- и non-LTR-ретротранспозонов из геномов растений и оомицетов. Предположение о конвергентной эволюции было сделано также и для доменов aRNH элементов кластеров *Tat* IV – VI растений и *Chronos* и *Archon* оомицетов с одной стороны, и «двойной» рибонуклеазы H ретровирусов позвоночных – с другой. В целом полученные автором результаты по структурно-филогенетическому анализу ретротранспозонов растений и оомицетов являются дополнительным свидетельством модульной эволюции ретротранспозонов и её роли в возникновении структурной и функциональной конвергенции между эволюционно удаленными группами различных ретроэлементов, что является весьма значимым выводом.

Замечания При прочтении диссертации и автореферата у меня возник ряд замечаний:

1. Филогенетический анализ, широко представленный в работе, основан на сравнении относительно коротких и сильно различающихся друг от друга аминокислотных последовательностей. Модели молекулярной эволюции выбраны вполне корректно, однако предположение, что для весьма разнородного набора данных модель является гомогенной принято по умолчанию. Это является, на мой взгляд, недостатком, тем более, что выводы делаются относительно адаптивного характера эволюции модулей aRNH. Поэтому я считаю необходимым использование инструментов вроде библиотеки P4 для языка Python, предназначенных для работ с гетерогенными моделями молекулярной эволюции.
2. Мне представляются малопродуктивными усилия, затраченные на получение точных топологий деревьев. Поскольку центральную роль в аргументации играют утверждения о полифелитичности или монофилетичности, то их и следовало бы тестировать используя LRT или информационные критерии. Отсутствие таких вычислений снижает доказательность выкладок в диссертации

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 К.В. Устьянцева «Функциональная и структурная конвергенция ретротранспозонов с дополнительным доменом рибонуклеазы H в геномах растений и оомицетов», 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 - присуждения искомой степени кандидата биологических наук по специальности 03.02.07 – «Генетика».

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

1 марта 2018 г.



Д.Ю.Щербаков

Подпись заведующего лабораторией, д.б.н. Щербакова Д.Ю. ЗАВЕРЯЮ.
и.о. ученого секретаря ЛИН СО РАН к.б.н. Максимова Н.В.

