

243АКЛЮЧЕНИЕ ДИССЕРТАЦИОННОГО СОВЕТА Д 003.011.01  
НА БАЗЕ ФЕДЕРАЛЬНОГО ГОСУДАРСТВЕННОГО БЮДЖЕТНОГО  
НАУЧНОГО УЧРЕЖДЕНИЯ «ФЕДЕРАЛЬНЫЙ ИССЛЕДОВАТЕЛЬСКИЙ  
ЦЕНТР ИНСТИТУТ ЦИТОЛОГИИ И ГЕНЕТИКИ СИБИРСКОГО  
ОТДЕЛЕНИЯ РОССИЙСКОЙ АКАДЕМИИ НАУК»

ПО ДИССЕРТАЦИИ НА СОИСКАНИЕ УЧЕНОЙ СТЕПЕНИ  
КАНДИДАТА БИОЛОГИЧЕСКИХ НАУК

Аттестационное дело № \_\_\_\_\_

Дата защиты 21 марта 2018 г., протокол № 10

**О присуждении Устьянцеву Кириллу Валерьевичу**  
ученой степени кандидата биологических наук

Диссертация «Функциональная и структурная конвергенция ретротранспозонов с дополнительным доменом рибонуклеазы H в геномах растений и оомицетов» по специальности 03.02.07 – генетика принята к защите 17.01.2018, протокол № 2, диссертационным советом Д 003.011.01 на базе Федерального государственного бюджетного научного учреждения «Федеральный исследовательский центр Институт цитологии и генетики Сибирского отделения Российской академии наук», (630090, Новосибирск, пр. ак. Лаврентьева, 10). Диссертационный совет Д 003.011.01 утвержден ВАК 15.01.2010, приказ ВАК № 1-7 и переутвержден Министерством образования и науки РФ 11.04.2012 года, приказ № 105/нк.

Соискатель: Устьянцев Кирилл Валерьевич, 1992 года рождения. В 2014 году окончил Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего профессионального образования «Новосибирский национальный исследовательский государственный университет», г. Новосибирск.

С 01.10.2014 г. и по настоящее время г. Устьянцев К. В. обучается в очной аспирантуре ИЦиГ СО РАН, г. Новосибирск, работает в должности младшего

научного сотрудника в лаборатории молекулярно-генетических систем Федерального государственного бюджетного научного учреждения «Федеральный исследовательский центр Институт цитологии и генетики Сибирского отделения Российской академии наук».

Диссертация выполнена в лаборатории молекулярно-генетических систем Федерального государственного бюджетного научного учреждения «Федеральный исследовательский центр Институт цитологии и генетики Сибирского отделения Российской академии наук».

Научный руководитель:

**Блинов Александр Геннадьевич** – кандидат биологических наук, ведущий научный сотрудник лаборатории молекулярно-генетических систем Федерального государственного бюджетного научного учреждения «Федеральный исследовательский центр Институт цитологии и генетики Сибирского отделения Российской академии наук», г. Новосибирск.

Официальные оппоненты:

1. **Щербаков Дмитрий Юрьевич** – доктор биологических наук, заведующий лабораторией геносистематики, ФГБУН «Лимнологический институт СО РАН», г. Иркутск.

2. **Бажан Сергей Иванович** – доктор биологических наук, доцент, заведующий теоретическим отделом, ФГБУН «Государственный научный центр вирусологии и биотехнологии «Вектор» Федеральной службы по надзору в сфере защиты прав потребителей и благополучия человека», г. Кольцово, Новосибирская область.

Оппоненты дали положительные отзывы на диссертацию.

Ведущая организация:

Федеральное государственное бюджетное учреждение науки Центральный сибирский ботанический сад Сибирского отделения Российской академии наук, г. Новосибирск. В своем положительном заключении, подписанном сотрудниками лаборатории интродукции редких и исчезающих видов растений ФГБУН Центральный сибирский ботанический сад СО РАН: д.б. н.,

в.н.с. Агафоновым А.В. и к.б.н., н.с. Нуждиной Н. С., и утвержденном директором ФГБУН Центральный сибирский ботанический сад СО РАН, д.б.н. Банаевым Е. В., указано, что «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 степени кандидата биологических наук по специальности 03.02.07 – «Генетика». Заключение принято на заседании лаборатории интродукции редких и исчезающих видов растений и лаборатории биотехнологии ФГБУН Центральный сибирский ботанический сад СО РАН. Протокол № 10 от 06.02.2018 г.».

Соискатель имеет всего 9 публикаций, из них 4 - по теме диссертации, общим объёмом 24 страницы, в том числе 2 статьи, опубликованных в научных рецензируемых изданиях, (Scopus, WoS), и 2 тезиса в материалах всероссийских и международных конференций.

Наиболее значительные статьи по теме диссертации:

1. **Ustyantsev K.**, Novikova O., Blinov A., & Smyshlyaev G. Convergent evolution of ribonuclease H in LTR retrotransposons and retroviruses // *Mol. Biol. Evol.* 2015. Т. 32. № 5. С. 1197–1207. (Scopus, WoS)(IF = 6.2)
2. **Ustyantsev K.**, Blinov A., Smyshlyaev G. Convergence of retrotransposons in oomycetes and plants // *Mobile DNA* 2017. Т. 8. №. 1. С. 4. (Scopus, WoS) (IF = 4.2)

На диссертацию и автореферат поступило 6 отзывов, все положительные.

Отзывы прислали:

1. Рогозин И. Б. – к.б.н., с. н. с. Национального исследовательского центра биотехнологии и информации Национальной библиотеки Медицины Национальных институтов Здоровья, г. Бесезда, штат Мэриленд, США.

2. Чикаев Н. А. – к. б. н., с. н. с. Лаборатории иммуногенетики ФГБУН Института молекулярной и клеточной биологии СО РАН, г. Новосибирск.
3. Фишман В. С. – к. б. н., заведующий сектором геномных механизмов онтогенеза ФГБНУ «Федерального исследовательского центра Институт цитологии и генетики Сибирского отделения Российской академии наук», г. Новосибирск.
4. Нетесов С. В. – член корр. РАН, д. б. н., профессор, заведующий лабораторией бионанотехнологии, микробиологии и вирусологии Факультета естественных наук Национального Исследовательского Государственного Университета (г. Новосибирск).
5. Копанцев Е. П. – к. б. н., с. н. с. лаборатории структуры и функций генов человека ФГБУН Института биоорганической химии им. Академиков М.М. Шемякина и Ю.А. Овчинникова РАН, г. Москва.
6. Демаков С. А. – д. б. н., заведующий лабораторией хромосомной инженерии ФГБНУ Института молекулярной и клеточной биологии СО РАН, г. Новосибирск.

Выбор официальных оппонентов и ведущей организации обосновывается тем, что официальные оппоненты являются компетентными специалистами в области генетики и биоинформатики, имеют публикации в ведущих биологических журналах и дали свое письменное согласие быть оппонентами. Ведущая организация является одним из ведущих Институты в нашей стране по изучению биологии и генетики растений.

**Диссертационный совет отмечает, что** на основании выполненного соискателем анализа теоретически **доказано** независимое возникновение сходной структурно-функциональной организации у филогенетически удаленных групп LTR- и non-LTR-ретротранспозонов с дополнительным доменом «архейной» рибонуклеазы H в геномах зеленых растений и паразитических простейших оомицетов.

**Предложена гипотеза** конвергентной модульной эволюции LTR- и non-

LTR-ретротранспозонов с доменом «архейной» рибонуклеазы H к единому структурно-функциональному «фенотипу» через приобретение идентичных функциональных белковых доменов в результате действия сходных механизмов отбора, регулирующих жизненные циклы ретротранспозонов в различных таксонах эукариот.

**Теоретическая значимость исследования обоснована тем, что впервые изучено** структурное разнообразие ретротранспозонов, содержащих дополнительный домен рибонуклеазы H «архейной» филогенетической группы в геномах таких эволюционно удаленных таксонов, как зеленые растения (царство Viridiplantae, 65 видов) и простейшие оомицеты (клада Stramenopiles надцарства Stramenopiles, Alveolate и Rhizaria, 25 видов).

**Установлено,** что в геномах растений и оомицетов существует пять эволюционных кластеров ретротранспозонов, содержащих домен «архейной» рибонуклеазы H. Показано, что три из них относятся к группе *Ty3/Gypsy* LTR-ретротранспозонов, а два других к группам *L1* и *R2* non-LTR-ретротранспозонов. Кластеры LTR-ретротранспозонов оомицетов *Archon* и *Chronos* обнаружены впервые, а для кластера *Tat* зеленых растений впервые показано наличие домена «архейной» рибонуклеазы H.

**Доказано,** что кластеры LTR- и non-LTR-ретротранспозонов – *Archon*, *Chronos*, *Tat*, *L1* и *Utopia* зеленых растений и оомицетов являются филогенетически обособленными и обладают сходной доменной структурой по положению домена «архейной» рибонуклеазы H в гене полипротеина, что позволяет говорить о независимом возникновении «архейного» домена в каждом из исследуемых кластеров ретротранспозонов в результате конвергентной эволюции.

**Доказано,** что LTR-ретротранспозоны растений и оомицетов с доменом «архейной» рибонуклеазы H также конвергентно повторяют отдельные этапы эволюции ретровирусов позвоночных животных, что выражается появлением у них структуры сходной с доменом «двойной» рибонуклеазы H ретровирусов.

**Обнаружено,** что у представителей кластера *Chronos* LTR-

ретротранспозонов оомицетов на С-конце гена полипротеина присутствует хромодомен аналогичный таковому у филогенетически обособленного кластера LTR-ретротранспозонов группы *Ty3/Gypsy* из геномов грибов, позвоночных и растений, что свидетельствует о возможности происхождения хромодомена у ретроинвертированных данных кластеров результате конвергентной эволюции.

**Значение полученных соискателем результатов исследования для практики подтверждается тем, что разработан оригинальный алгоритм поиска новых групп ретроинвертированных с дополнительным доменом рибонуклеазы Н, основанный на использовании профилей скрытых марковских моделей, который может быть легко перенесен и применен для обнаружения групп ретроинвертированных с другими доменами и на других геномных данных.**

**Представлены новые** данные о структурном и филогенетическом разнообразии ретроинвертированных с дополнительным доменом рибонуклеазы Н в геномах эукариот, которые свидетельствуют в пользу теории модульной эволюции ретроинвертированных. Результаты исследования могут быть использованы в научно-исследовательских учреждениях, занимающихся изучением генетики и эволюции геномов эукариот, а также в образовательном процессе при подготовке специалистов биологического профиля.

**Применительно к проблематике диссертации результативно** использованы как стандартные биоинформационные методы анализа (поиск и выравнивание гомологичных последовательностей, идентификация функциональных доменов в белковых последовательностях и предсказание их вторичной структуры, определение эволюционных моделей и построение филогении методами максимального правдоподобия и байесовского анализа), так и оригинальные, разработанные автором, алгоритмы поиска целевых последовательностей доменов обратной транскриптазы и «архейной» рибонуклеазы Н ретроинвертированных в прочитанных геномных последовательностях. С их помощью получены данные, позволяющие с

высокой вероятностью предположить независимость происхождения доменов «архейной» рибонуклеазы H у ретротранспозонов растений и оомицетов, расширено разнообразие известных эволюционных групп ретротранспозонов и показан конвергентный характер их эволюции.

Оценка **достоверности результатов исследования** показала высокую воспроизводимость полученных данных и адекватность использованных методов их получения. Интерпретация результатов о структурной и функциональной конвергенции LTR-ретротранспозонов с дополнительным доменом рибонуклеазы H, обнаруженных в геномах растений и оомицетов, с ретровирусами позвоночных животных учитывает данные об эволюции и жизненном цикле ретровирусов и ретротранспозонов, полученные ранее другими исследователями.

**Личный вклад автора** состоит в создании и применении алгоритма биоинформационного поиска последовательностей ретротранспозонов с дополнительным доменом рибонуклеазы H в прочитанных геномных последовательностях 65 видов зеленых растений и 25 видов оомицетов, проведении сравнительного и филогенетического анализа полученных последовательностей ретротранспозонов, обработке полученных данных, а также интерпретации полученных результатов и подготовке публикаций по выполненной работе.

Полученные соискателем научные результаты соответствуют п. 12. «Структурная, функциональная и эволюционная геномика. Генетическая биоинформатика. Геносистематика» и п. 15. «Естественный и искусственный отбор, видообразование, генетические механизмы эволюции. Экологическая и природоохранная генетика» паспорта специальности 03.02.07 — генетика. Диссертационным советом сделан вывод о том, что диссертация Устьянцева К.В. представляет собой законченную научно-квалификационную работу, которая соответствует критериям пункта 9, абзац 2, установленным «Положением о присуждении ученых степеней», утвержденным постановлением Правительства РФ от 24 сентября 2013 г. № 842.

На заседании 21 марта 2018 года диссертационный совет принял решение присудить Устьянцеву Кириллу Валерьевичу учёную степень кандидата биологических наук.

При проведении тайного голосования диссертационный совет в количестве 20 человек, из них 7 докторов наук по специальности, участвующих в заседании, из 27 человек, входящих в состав совета, проголосовали: за – 20, против – нет, недействительных бюллетеней – нет.

Председатель  
диссертационного совета,  
академик РАН



В.К. Шумный

Ученый секретарь  
диссертационного совета,  
доктор биологических наук

Т.М. Хлебодарова

21.03.2018 г.