

ОТЗЫВ

на автореферат диссертации Бирюкова Михаила Юрьевича
«Происхождение и эволюция структурных вариантов *Tat* LTR- ретротранспозонов
зелёных растений»,
представляемой на соискание ученой степени кандидата биологических наук по
специальности 1.5.7. – генетика

Диссертационная работа М.Ю. Бирюкова посвящена происхождению и эволюции структурных вариантов *Tat* LTR-ретротранспозонов зелёных растений. *Tat* LTR-ретротранспозоны относятся к группе мобильных генетических элементов, которые являются важными регуляторами структуры и функционирования генома. Интерес к LTR-ретротранспозонам растений связан с их эволюционной и структурной близостью с ретровирусами позвоночных животных. Элементы кластера *Tat* группы LTR-ретротранспозонов *Tu3/gypsy* распространены исключительно в геномах зелёных растений, отличительной особенностью которых является наличие дополнительного домена рибонуклеазы H (RNH) в гене полипротеина. Ранее уже были выявлены структурные варианты элементов кластера *Tat* по положению дополнительного домена RNH, но только при исследовании геномов высокоорганизованных цветковых растений и четырёх видов нецветковых растений.

В рамках своей диссертационной работе М.Ю. Бирюков самостоятельно разработал алгоритм DARTS для поиска, извлечения и аннотации ретротранспозонов. И впервые произвёл поиск элементов кластера *Tat* LTR-ретротранспозонов зелёных растений, содержащих дополнительный домен RNH, среди геномов стрептофитовых водорослей, печёночных и антоцеротовых мхов, папоротников и древних таксонов семенных, таких как гингковые, саговниковые, гнетовые, кипарисовые, тисовые, амборелловые, нимфовые и магнолииды (всего 94 генома зелёных растений). В результате анализа было выявлено пять структур элементов *Tat*, различающихся по положению дополнительного домена RNH, две из которых описаны впервые. Также предложены эволюционные сценарии приобретения и функционирования дополнительного домена RNH в геномах зелёных растений.

Представленная диссертация выполнена на высоком научно-методическом уровне. Полученные автором результаты опубликованы в международных рецензируемых журналах, апробированы на конференциях и представляют интерес для специалистов разных профилей. Сделанные автором выводы соответствуют полученным результатам.

Однако автореферат не раскрывает ряда важнейших деталей, в связи с чем возникли следующие вопросы и замечания.

Описание раздела «Глава 1. Обзор литературы» отображено не кратким содержанием этого раздела, а его назначением, по которому нельзя составить никакого представления о текущем состоянии мировой науки по исследуемому диссертантом

вопросу. Например, было бы интересно узнать, чем «дополнительный домен рибонуклеазы H (RNH)» отличается от «дополнительного домена RNH», «добавочного домена aRNH», «дополнительного домена aRNH», а также от «домена aRNH»?

Поскольку предложенный диссертантом алгоритм DARTS для биоинформатического поиска мобильных элементов является одним из ключевых результатов работы, то неясно почему его подробное описание не представлено в автореферате, а указаны только использованные в нём биоинформатические инструменты (Глава 2. Материалы и методы)?

Кроме того, в разделе «Глава 2. Материалы и методы» сообщается, что автором написаны скрипты на языке программирования Python, входящие в состав алгоритма, а в разделе «Глава 3. Результаты» – что алгоритм поиска автоматизированный. В связи с чем, хотелось бы уточнить, сколько действий нужно совершить для запуска поиска мобильных элементов с помощью алгоритма DARTS, специфичных по наличию добавочного домена рибонуклеазы H, а также других групп мобильных элементов (Ty1/Copia, Ty3/Gypsy, Bel/Pao, DIRS)? На сколько легко этим алгоритмом сможет воспользоваться другой исследователь?

В разделе «Вклад автора», что «для запуска алгоритма использовался кластер Европейского исследовательского института биологии и старения (ERIBA, Гронинген)». Чем был определён данный выбор? Может есть причины, почему не мог быть использован для запуска алгоритма кластер ЦКП «Биоинформатика» (ИЦиГ СО РАН)?

В разделе «Глава 3. Результаты» диссертант утверждает, что алгоритм DARTS показал более высокую чувствительность по сравнению с алгоритмом поиска, основанном на инструменте LTRharvest. Однако, ни в разделе «Глава 2. Материалы и методы», ни в разделе «Глава 3. Результаты» не описана метрика, по которой рассчитывалась чувствительность метода. Хотелось бы ознакомиться с метрикой, ведь результат по чувствительности метода указан в выводе №1.

Кроме того, в статье Mokhtar и El Allali (2023, doi: 10.3389/fpls.2023.1237426) упоминается ещё девять более ранних аналогичных инструментов кроме DARTS для поиска LTR-ретротранспозонов. Почему в автореферате проводится сравнение алгоритма DARTS только с алгоритмом поиска, основанном на инструменте LTRharvest? С какими ещё алгоритмами проводилось сравнения чувствительности алгоритма DARTS, ведь в выводе №1 указано, что «чувствительность алгоритма превышает ранее разработанные методы» (множественное число)? Есть ли какие-то ещё преимущества алгоритма DARTS помимо чувствительности по сравнению с инструментом LTRharvest или другими инструментами?

В выводе №4 сказано, что у *Tat* LTR-ретротранспозонов структура «ретровирусного» типа преобладает в большинстве изученных таксонов. Хотелось бы уточнить процент этого «большинства» или точное количество таксонов.

Вывод №6: «Деградация нативного домена RNH во всех кластерах *Tat*, содержащих aRNH в различных положениях, происходит в равной мере для всех изученных групп.» Какие группы имеются ввиду? Группы из каких элементов?

Из второго положения, выносимого на защиту, неясно какие позвоночные процессы рассматриваются в аналогичном положении при приобретении добавочного домена рибонуклеазы ретротранспозонами растений: «Добавочный домен рибонуклеазы H (aRNH) был приобретен ретротранспозонами растений как результат конвергентных по отношению к ретровирусам позвоночных процессов в аналогичном положении...».

Очень расстраивает, что в тексте автореферата встречаются орфографические и пунктуационные (положение №1) ошибки, опечатки, стилистические ошибки («Следом за следующей внешней группой...», «В дополнение к методам, использованным в рамках работы разработанного алгоритма, использовались также следующие методы»), не везде соблюдаются правила наименования генов (необходимо выделять курсивом) (на стр. 1, «ген *rol*»). Небрежно оформлены рисунки: в подписях к рисункам 2 и 4 указаны ссылки на номера литературных источников к диссертационной работе; в подписях к рисункам 3 и 5 есть текст несоответствующий рисункам; рисунок 5 представлен на английском языке. А некоторые использованные сокращения в тексте расшифрованы только в подписях к рисункам («RT»).

Несмотря на приведенные замечания диссертационная работа Бирюкова Михаила Юрьевича на тему «Происхождение и эволюция структурных вариантов *Tat* LTR-ретротранспозонов зелёных растений» представляет собой самостоятельное законченное исследование, которое по актуальности поставленной задачи и научной значимости результатов отвечает всем требованиям, предъявляемым к кандидатским диссертациям согласно «Положения о порядке присуждения учёных степеней», а её автор заслуживает присвоения ученой степени кандидата биологических наук по специальности 1.5.7. – генетика.

Лавреха Виктория Вадимовна, к.б.н., н.с. сектора системной биологии морфогенеза растений лаб. молекулярно-генетических систем ИЦиГ СО РАН

630090, Россия, Новосибирск, пр-т Академика Лаврентьева, д.10, ИЦиГ СО РАН, тел. +7(383) 363-49-63*1129, email: vvl@bionet.nsc.ru



21.11.2023