

ОТЗЫВ

на автореферат Антонец (Старчевской) Марии Евгеньевны
«ИДЕНТИФИКАЦИЯ И СРАВНИТЕЛЬНЫЙ АНАЛИЗ ГЕНЕТИЧЕСКИХ
ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЕЙ ВИРУСОВ НА ОСНОВЕ ГЕНОМНЫХ И
ТРАНСКРИПТОМНЫХ ДАННЫХ КОЛОРАДСКОГО ЖУКА (*LEPTINOTARSA
DECEMLINEATA*)»,

представленной на соискание ученой степени кандидата биологических наук по
специальности 1.5.8. Математическая биология, биоинформатика

Тема исследования является актуальной как в фундаментальном, так и в прикладном аспектах. В автореферате убедительно показано, что метагеномный/метатранскриптомный подход существенно расширяет возможности выявления известных и новых вирусов в природных и лабораторных выборках, особенно когда культуральные методы неприменимы или малопродуктивны.

Особая актуальность обусловлена объектом исследования — колорадским жуком (*Leptinotarsa decemlineata*), одним из ключевых вредителей сельского хозяйства, демонстрирующим высокую адаптивность и быструю выработку резистентности к инсектицидам. На этом фоне поиск и характеристика вирусов, потенциально патогенных для данного вида, рассматриваются как перспективное направление экологически более безопасного биоконтроля, а также как способ снизить пестицидную нагрузку и замедлить рост резистентности популяций вредителя. В автореферате подчеркнута, что вирусом *L. decemlineata* изучен слабо, что усиливает научную значимость выполненного исследования. Автореферат построен в целом логично и последовательно: представлены актуальность, цель и задачи, научная новизна, положения, выносимые на защиту, личный вклад, апробация и публикации, структура диссертации, затем кратко изложены материалы и методы, а также основные результаты с обсуждением и выводами. При этом ряд методических решений упоминается кратко (например, критерии отсека контаминации, параметры сборки/фильтрации контигов, правила отнесения к эндогенным вирусным элементам), что незначительно снижает воспроизводимость восприятия именно по тексту автореферата. Также имеется ряд опечаток и орфографических ошибок.

Научная новизна работы состоит в том, что на основе комплексного анализа геномных и транскриптомных данных *Leptinotarsa decemlineata* выполнена идентификация и сравнительная характеристика вирусных генетических последовательностей, включая случаи, ранее не описанные для данного вида-хозяина. Был разработан оригинальный конвейер `uncoVir` для поиска генетического материала вирусов в данных высокопроизводительного секвенирования. Также была собрана оригинальная база данных вирусных последовательностей `BigViralDB` которая объединяет информацию из

крупнейших баз данных вирусных последовательностей. Впервые для колорадского жука получены и проанализированы практически полногеномные последовательности отдельных ассоциированных вирусов с их доменной аннотацией и филогенетической привязкой, а также выявлены протяжённые фрагменты вирусного происхождения, обсуждаемые как потенциально эндогенные элементы, что расширяет представления о составе вирома и о возможных сценариях взаимодействия вирусов с геномом хозяина.

Практическая значимость заключается в том, что полученные результаты формируют основу для дальнейшего целенаправленного поиска и оценки вирусов как потенциальных агентов биологического контроля численности колорадского жука и, тем самым, для разработки экологически более безопасных подходов защиты растений. Разработанный и апробированный программный конвейер может быть использован как воспроизводимый инструмент для скрининга вирусных последовательностей в геномных и транскриптомных данных других объектов, что делает его полезным для задач мониторинга, диагностики и исследования вирусного разнообразия в агроэкосистемах и природных популяциях.

Автореферат в полной мере отражает положения, выносимые на защиту, подтверждённые публикациями в рецензируемых изданиях, включая журналы первого квартала.

Имеется ряд замечаний/вопросов к работе:

1. Исходя из текста автореферата, указано, что вирус «может быть связан» с летальной инфекцией. Однако по автореферату не вполне ясно, какие именно критерии причинной связи использованы. Хотелось бы видеть хотя бы краткое указание на дизайн подтверждающих сравнений.
2. Указывается объединение нескольких крупных источников для создания базы BigViralDB. Бесспорно, это повышает полноту и представленность вирусных последовательностей, но также может усиливать дублирование и приводить к смещению результатов в сторону хорошо представленных групп. Было бы полезно указать, применялись ли какие-то меры чтобы снизить перепредставленность.

Отмеченные замечания нисколько не снижают качества исследования и не влияют на главные теоретические и практические результаты диссертации, описанные выше. Результаты оригинальны, обладают научной новизной и крайне высокой практической значимостью.

Диссертационная работа Антонец Марии Евгеньевны «Идентификация и сравнительный анализ генетических последовательностей вирусов на основе геномных и

транскриптомных данных колорадского жука (*Leptinotarsa decemlineata*)» отвечает требованиям, предъявляемым к диссертациям на соискание ученой степени кандидата наук, а ее автор, Антонец Мария Евгеньевна заслуживает присуждения ученой степени кандидата биологических наук по специальности 1.5.8. Математическая биология, биоинформатика.

к.б.н., доцент направления
«Вычислительная биология», научного
центра генетики и наук о жизни НТУ
«Сириус»

Куляшов
Михаил Андреевич



Сведения:

Автономная некоммерческая образовательная организация высшего образования
«Научно-технологический университет «Сириус»

Адрес организации: 354349, Российская Федерация, Краснодарский край, федеральная территория «Сириус», Олимпийский проспект, д.1

Телефон: +79231009972

e-mail: kulyashov.ma@talantiuspeh.ru

