

ЗАКЛЮЧЕНИЕ ДИССЕРТАЦИОННОГО СОВЕТА 24.1.239.01,
СОЗДАННОГО 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 № _____

решение диссертационного совета от 4 марта 2026 г. № 5

О присуждении Антонец (Старчевской)

Марии Евгеньевне

(гражданка РФ)

ученой степени кандидата биологических наук.

Диссертация Антонец (Старчевской) М.Е. «Идентификация и сравнительный анализ генетических последовательностей вирусов на основе геномных и транскриптомных данных колорадского жука (*Leptinotarsa decemlineata*)» по специальности 1.5.8. – математическая биология, биоинформатика, принята к защите 13.11.2025 г, протокол №22, Диссертационным советом 24.1.239.01 (Д 003.011.01), созданным на базе Федерального государственного бюджетного научного учреждения «Федеральный исследовательский центр Институт цитологии и генетики Сибирского отделения Российской академии наук», (630090, Новосибирск, пр. акад. Лаврентьева, 10).

Диссертационный совет 24.1.239.01 (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: Антонец (Старчевская) Мария Евгеньевна, 7 марта 1995

года рождения, В 2020 году окончила с отличием факультет естественных наук Новосибирского Государственного Университета с присуждением степени магистра по направлению подготовки «Биология». В 2024 году окончила очную аспирантуру ИЦиГ СО РАН по направлению 06.06.01 – Биологические науки.

На момент получения основных результатов диссертационной работы Антонец М.Е. работала в теоретическом отделе Федерального бюджетного учреждения науки «Государственный научный центр вирусологии и биотехнологии «Вектор» Федеральной службы по надзору в сфере защиты прав потребителей и благополучия человека», Новосибирская область, р.п. Кольцово. В настоящее время работает программистом-биоинформатиком в ООО «Новые Программные Системы».

Научный руководитель – Антонец Денис Викторович – кандидат биологических наук, старший научный сотрудник, Институт перспективных исследований проблем искусственного интеллекта и интеллектуальных систем МГУ имени М.В. Ломоносова, г. Москва.

Официальные оппоненты:

1. **Колпаков Федор Анатольевич**, доктор биологических наук, руководитель направления «Вычислительная биология» Автономной некоммерческой образовательной организации высшего образования «Научно-технологический университет «Сириус», Федеральная территория «Сириус»
2. **Игорь Викторович Бабкин**, доктор биологических наук, доцент, ведущий научный сотрудник, Институт химической биологии и фундаментальной медицины сибирского отделения Российской академии наук, г. Новосибирск.

Оппоненты дали положительные отзывы на диссертацию.

Ведущая организация: Федеральное государственное бюджетное учреждение науки «Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова

Российской академии наук», г. Москва, в своём положительном отзыве, подписанном кандидатом биологических наук, заведующей лабораторией анализа генома, врио заведующего лабораторией ДНК-метилом и редактирование транскриптома, в.н.с. центра технологического обеспечения генетических исследований Сперанской Анной Сергеевной, и утвержденном директором ИОГен РАН доктором биологических наук Мисюриным Андреем Витальевичем, заключила, что «Таким образом, диссертация Антонец Марии Евгеньевны является законченной научно-квалификационной работой на актуальную тему, проведенной на современном научном уровне, с применением современных методов биоинформатики. В работе на основании выполненных автором исследований содержится решение актуальной задачи - проведения первичного анализа вирома колорадского жука (*Leptinotarsa decemlineata*), что вносит вклад в развитие вирусологии, экологии и защиты растений. Положения и результаты работы, включая разработку оригинального программного конвейера и идентификацию новых вирусных агентов, создают научную основу для идентификации и таксономической характеристики новых патогенов, разработки современных биологических методов защиты сельскохозяйственных культур. Работа М.Е. Антонец соответствует требованиям, предъявляемым к диссертациям на соискание ученой степени кандидата наук, перечисленным в пункте 9 «Положения о присуждении ученых степеней», утвержденных постановлением Российской Федерации от 24 сентября 2013 года №842 в текущей редакции, а ее автор заслуживает присуждения искомой ученой степени кандидата биологических наук по специальности: 1.5.8. - математическая биология, биоинформатика (биологические науки). Отзыв обсужден на заседании на расширенном семинаре лаборатории ДНК-метилом и редактирование транскриптома, от 03.02.2026 №2, с привлечением сотрудников центра технологического обеспечения генетических исследований и лаборатории системной биологии и вычислительной генетики ИОГен РАН».

Соискатель имеет всего 32 опубликованные работы, из них по теме диссертации 6, общим объемом 34 стр. из них 2 статьи в рецензируемых научных изданиях (WoS, Scopus) и 4 тезиса в материалах международных и всероссийских конференций. В большей части опубликованных работ личный вклад автора был определяющий. В диссертации отсутствуют недостоверные сведения об опубликованных соискателем работах.

Наиболее значимые публикации по теме диссертации:

1. Starchevskaya (Antonets) M., Kamanova E., Vyatkin Yu., Tregubchak T., Bauer T., Bodnev S., Rotskaya U., Polenogova O., Kryukov V., Antonets D. The metagenomic analysis of viral diversity in Colorado potato beetle public NGS data. *Viruses*. 2023, V. 15, P. 395. (WoS, Scopus, IF = 3,7)
2. Antonets (Starchevskaya) M., Bodnev S., Rotskaya U., Kosman E., Tregubchak T., Bauer T., Azaev M., Kryukov V., Antonets D. Nearly complete genome sequences of the first two identified Colorado potato beetle viruses. *Scientific Reports*. 2024, V. 14, P. 352. (Wos, Scopus, IF = 4,3)

На диссертацию и автореферат поступило 6 отзывов, все положительные.

Отзывы прислали:

1. Акбердин Илья Ринатович – кандидат биологических наук, ведущий научный сотрудник направления «Вычислительная биология» Автономной некоммерческой образовательной организации высшего образования «Научно-технологический университет «Сириус», Федеральная территория «Сириус». *«Автореферат хорошо структурирован, последовательно и обосновано описана методологическая часть биоинформатического анализа, насколько это позволяет сделать объем автореферата. Однако, к представленному автореферату есть несколько замечаний: 1. Многокомпонентная формулировка цели исследования. В результате, остаётся не до конца ясным, что же было*

первоочередной целью исследования: изучение разнообразия вирусного генетического материала в омиксных данных колорадского жука или все-таки идентификация потенциально патогенных вирусов; 2. Из текста автореферата остаётся не до конца понятным методологическое обоснование того, что из анализа были исключены последовательности, отнесенные к бактериофагам и мимивирусам; 3. В описании научной новизны в автореферате указано: «показано, что *Leptinotarsa iflavirus 1* может быть связан с летальной инфекцией колорадского жука». Однако, в описании основных результатов в автореферате обоснования этому утверждению не приведено; 4. В рамках исследования выдвинута интересная гипотеза о возможном вирусном происхождении части неаннотированных белков протеома насекомых. Однако в автореферате не приводятся конкретные данные или примеры из проведенного исследования, которые бы непосредственно подтверждали и/или давали предпосылки для этой гипотезы. По всей видимости, было бы ценно указать, планируются ли дальнейшие исследования для проверки этой гипотезы, или какие предварительные наблюдения привели к ее формулированию; 5. В тексте автореферата встречаются некорректное использование шрифтов и опечатки в видовых названиях: «*L. decemlineata*» и «*L. Decemlineata*»;

2. Куляшов Михаил Андреевич – кандидат биологических наук, доцент направления «Вычислительная биология» Автономной некоммерческой образовательной организации высшего образования «Научно-технологический университет «Сириус», Федеральная территория «Сириус». «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»;

3. Колосов Алексей Владимирович – кандидат биологических наук, ведущий научный сотрудник Федерального бюджетного учреждения науки «Государственный научный центр вирусологии и биотехнологии «Вектор» Федеральной службы по надзору в сфере защиты прав потребителей и благополучия человека», Новосибирская область, р.п. Кольцово;
4. Аханаев Юрий Баторович – кандидат биологических наук, ведущий научный сотрудник Автономной некоммерческой образовательной организации высшего образования «Научно-технологический университет «Сириус», Федеральная территория «Сириус». *«Вместе с тем важно помнить, что метагеномный и метатранскриптомный анализ отражают состав нуклеиновых кислот в исследуемых образцах и могут включать вклад посторонних компонентов, например, контаминантов, кормового субстрата и микробиома. Поэтому результаты корректнее обсуждать прежде всего как выявление вирусоподобных последовательностей и их отнесение к таксонам, тогда как выводы о причинной роли или о возможном встраивании отдельных фрагментов в геном хозяина требуют проверки, в том числе экспериментальной валидации»;*
5. Карпенко Лариса Ивановна – доктор биологических наук, ведущий

научный сотрудник отдела биоинженерии Федерального бюджетного учреждения науки «Государственный научный центр вирусологии и биотехнологии «Вектор» Федеральной службы по надзору в сфере защиты прав потребителей и благополучия человека», Новосибирская область, р.п. Кольцово;

- б. Носков Юрий Александрович – кандидат биологических наук, заместитель директора по научной работе Федерального государственного бюджетного научного учреждения «Всероссийский научно-исследовательский институт защиты растений», г. Санкт-Петербург.

Выбор официальных оппонентов и ведущей организации обосновывается тем, что оба оппонента являются компетентными специалистами в области математической биологии и биоинформатики, имеют публикации в ведущих биологических журналах и дали свое письменное согласие быть оппонентами. Ведущая организация является одним из ведущих учреждений в области молекулярной генетики с применением методом биоинформатики, что позволяет провести экспертную оценку результатов, полученных в диссертационной работе.

Диссертационный совет отмечает, что на основании выполненных соискателем исследований доказано, что разработанный автором оригинальный программный конвейер uncoVir для метагеномного анализа данных высокопроизводительного секвенирования (DNA-Seq и RNA-Seq) обеспечивает результативный поиск генетического материала вирусов в организме хозяина, что позволило идентифицировать последовательности более 30 семейств вирусов в образцах колорадского жука (*Leptinotarsa decemlineata*).

Высказана оригинальная гипотеза, что отнесенный к семейству *Iflaviridae* вирус *Leptinotarsa iflavirus 1*, впервые описанный автором, может быть связан с летальной для колорадского жука инфекцией.

Теоретическая значимость работы обоснована тем, что впервые проведен поиск и сравнительный анализ вирусного генетического материала в метагеноме колорадского жука, что позволило выявить многочисленные последовательности, большинство из которых имеют сходство с последовательностями вирусов насекомых и растений, а также эндогенных вирусных элементов.

Впервые показано, что вирусные последовательности, обнаруженные в личинках колорадского жука, погибших от инфекции неустановленной природы, филогенетически связаны с ифлавирусами и солинвивирусами и соответствуют двум новым ранее не описанным вирусам (*Leptinotarsa iflavirus 1* и *Leptinotarsa solinvi-like virus 1*), что формирует основу для дальнейших исследований их биологической роли и патогенного потенциала.

Значение полученных соискателем результатов исследования для практики подтверждается тем, что разработан оригинальный программный конвейер uncoVir для анализа данных высокопроизводительного секвенирования (DNA-Seq и RNA-Seq), включающий такие этапы обработки данных как контроль качества, фильтрацию, сборку, поиск вирус-гомологичных последовательностей и их аннотацию, что позволяет вести поиск и идентификацию генетического материала вирусов даже в присутствии генетических последовательностей хозяина.

Выявленные в образцах личинок колорадского жука новые, ранее не описанные вирусы, названы *Leptinotarsa iflavirus 1* и *Leptinotarsa solinvi-like virus 1*), а их последовательности депонированы в международную базу данных GenBank (ID: OR613011 и OR613010, соответственно).

Полученные в работе данные и разработанный инструментарий представляют интерес для научных организаций биологического, сельскохозяйственного и биотехнологического профиля, занимающихся исследованием виромов насекомых и поиском агентов биологического

контроля вредителей. Разработанный конвейер находится в свободном доступе (<https://github.com/starchevskayamaria17/uncoVir>) и может быть использован заинтересованными исследователями.

Применительно к проблематике диссертации результативно использован комплекс современных биоинформатических и молекулярно-генетических методов поиска и анализа материала вирусов на основе данных высокопроизводительного секвенирования, включая разработанный автором программный конвейер uncoVir, а также методы сборки последовательностей *de novo*, их выравнивания и филогенетического анализа, что позволило провести систематический анализ вирусных последовательностей в геномных и транскриптомных данных колорадского жука. Для реализации конвейера и анализа данных использованы языки программирования Bash и Python, а также система управления вычислительным процессом Snakemake. В рамках работы также использованы методы ПЦР и количественной ОТ-ПЦР, методы секвенирования по Сэнгеру и методы высокопроизводительного секвенирования с использованием платформ Illumina MiSeq и Oxford Nanopore Technologies MinION. Набор выбранных подходов и методов адекватен поставленным задачам.

Оценка достоверности результатов идентификации и анализа вирусных генетических последовательностей у колорадского жука проводилась с использованием взаимодополняющих подходов, включающих анализ публичных данных высокопроизводительного секвенирования, обработку собственных данных секвенирования, сборку *de novo*, поиск гомологичных последовательностей в международных базах данных и последующий филогенетический анализ. Корректность таксономического определения выявленных вирусных последовательностей подтверждается их сопоставлением с референсными вирусными геномами, а для новых вирусов – дополнительным филогенетическим анализом и

депонированием полученных геномных последовательностей в GenBank. Интерпретация полученных результатов по составу и разнообразию вирусного генетического материала в геномных и транскриптомных данных колорадского жука выполнена с учетом современных представлений и ранее опубликованных данных по метагеномному и метатранскриптомному анализу виромов насекомых.

Личный вклад автора заключается в непосредственном участии в постановке задач исследования, разработке программного конвейера uncoVir, биоинформатическом анализе геномных и транскриптомных данных, включая сборку, аннотацию и филогенетическую характеристику вирусных последовательностей. Автором лично рассчитывались праймеры для проведения ПЦР и секвенирования по Сэнгеру, а также проводилось секвенирование ряда биологических образцов с использованием платформы Oxford Nanopore Technologies MinION. Ряд этапов работы, включая ПЦР, секвенирование по Сэнгеру и секвенирование с использованием платформы Illumina MiSeq, выполнены с участием сотрудников ФБУН ГНЦ ВБ «Вектор» Роспотребнадзора, а связанных с количественной ОТ-ПЦР – с участием сотрудников ФГБУН ИСиЭЖ СО РАН. Автор также принимал непосредственное участие в обсуждении результатов и подготовке публикаций. Основные результаты исследования получены самостоятельно.

В ходе защиты диссертации критических замечаний высказано не было. Соискатель Антонец М.Е. аргументированно ответила на все задаваемые ей в ходе заседания вопросы.

Полученные соискателем научные результаты соответствуют п. 2 «Компьютерная системная биология (геномика, транскриптомика, протеомика, метаболомика, другие омиксные исследования)», п. 12 «Разработка и применение новых вычислительных алгоритмов для анализа экспериментальных данных в биологии и медицине» паспорта научной специальности 1.5.8. – математическая биология, биоинформатика (биологические науки).

Диссертационным советом сделан вывод о том, что диссертация Антонец М.Е. представляет собой законченную научно-квалификационную работу и соответствует критериям, установленным пунктом 9 (абзац 2) Положения о присуждении ученых степеней, утвержденного постановлением Правительства Российской Федерации от 24 сентября 2013 г. № 842 (в текущей редакции).

Диссертационный совет от 4 марта 2026 г. принял решение присудить Антонец Марии Евгеньевне ученую степень кандидата биологических наук за решение научной задачи, связанной с разработкой оригинального программного конвейера uncoVir для поиска и анализа генетического материала вирусов в данных высокопроизводительного секвенирования, а также с идентификацией и филогенетической характеристикой новых вирусов колорадского жука, имеющих важное значение для разработки новых методов биологического контроля численности сельскохозяйственных вредителей.

При проведении тайного голосования диссертационный совет в количестве 18 членов совета, из них по специальности 1.5.8. - 6 докторов наук; из 24 человек, входящих в состав совета, проголосовали: за – 18, против – нет, недействительных бюллетеней – нет.

Зам. председателя
диссертационного совета,
доктор биологических наук

 Д.А. Афонников

Ученый секретарь
диссертационного совета,
доктор биологических наук



 Т.М. Хлебодарова

04.03.2026 г