

ОТЗЫВ

на автореферат диссертации Цой О. В. «Эволюция систем регуляции транскрипции в геномах бактерий», представленной на соискание ученой степени кандидата биологических наук по специальности
03.01.09 – математическая биология, биоинформатика

Диссертационная работа Цой О.В. посвящена изучению эволюции транскрипционных факторов в геномах бактерий. В настоящее время для кишечной палочки, например, известно около 300 белковых регуляторов транскрипции, многие из которых перекрываются друг с другом и образуют сложные регуляторные сети. Понимание возможных механизмов подобного перекрывания и формирования сетей является ключевой задачей современной транскриптомики, поэтому тема диссертации является, несомненно, актуальной.

В работе был проведен подробный анализ эволюции взаимоотношений различных транскрипционных факторов в зависимости от их положения в транскрипционной сети. Был выявлен очень интересный факт, что разные типы регуляторных треугольников эволюционируют по-разному, и регуляция транскрипции как глобальными, так и локальными регуляторами в несогласованном треугольнике оказалась более консервативной, чем в согласованном.

В ходе изучения эволюции оперона катаболизма этаноламина было выделено два основных типа оперонов – длинный (содержащий полный набор необходимых генов) и короткий, содержащий минимальный набор генов утилизации этаноламина. Было обнаружено несколько случаев отклонения структуры оперонов от таксономического положения организмов – наиболее ярким из них является расщепление ветви *Gamma-proteobacteria*, когда одна из ветвей стала сестринской к *Firmicutes* с длинным типом оперона, другая же находится на положенном ей месте в *Proteobacteria* и содержит короткий вариант *eut* оперона. Автором проведено детальное исследование возможных эволюционных событий, приведших к такому расщеплению.

С помощью методов сравнительной геномики был впервые выведен консенсусный мотив связывания регулятора транскрипции генов катаболизма этаноламина *EutR* и проведен поиск этого мотива в регуляторных участках потенциальных членов его регулона. Оказалось, что сайт *EutR* перед геном *stpA*, кодирующим ДНК-связывающий белок нуклеоида, присутствует во всех пяти следованных геномах. Если *EutR* действительно является консервативным регулятором транскрипции *stpA*, то он может оказаться вовлеченным не только в регуляцию метаболических путей, но и в глобальную регуляцию транскрипции путем *StpA*-опосредованного влияния на тесно связанный с ним основной белок

нуклеоида и один из восьми глобальных регуляторов транскрипции у бактерий H-NS, который, по-видимому, выполняет функцию глобального сайленсера транскрипции в зависимости от условий роста. В связи с этим, было бы очень интересно экспериментально проверить связывание EutR с промоторными областями генов *stpA* и *hns* и понять механизм его действия.

В качестве небольшого замечания можно отметить отсутствие описания функций обсуждаемых транскрипционных регуляторов, что делает текст сложным для восприятия неспециалистом в области регуляции транскрипции у бактерий.

По объему проведенных исследований, степени завершенности и обоснованности выводов диссертационная работа О.В. Цой полностью соответствует требованиям ВАК, предъявляемым к кандидатским диссертациям, и автор заслуживает присвоения степени кандидата биологических наук по специальности 03.01.09 – математическая биология, биоинформатика.

с.н.с. лаб. Функциональной геномики
и клеточного стресса
ФГБУН Институт биофизики клетки РАН,
кандидат биологических наук
142290, Московская обл., г. Пущино
Ул. Институтская, 3
E-mail: maria@icb.psn.ru
Тел. +74967 739140



Тутукина М.Н.

26 октября 2014 г.

