



Отзыв на автореферат диссертации

Лейна Семена Александровича

«Эволюция транскрипционной регуляции метаболизма углеводов в бактериях»,
представленной на соискание ученой степени кандидата биологических наук по
специальности: 03.01.09 – «математическая биология, биоинформатика».

Значительный прогресс в технологии секвенирования ДНК привел к появлению большого числа полных геномов, что, в свою очередь, позволяет перейти от изучения модельных организмов к анализу широкого круга бактерий. В этом анализе важную роль играют методы сравнительной геномики, позволяющие быстро оценить метаболическое разнообразие исследуемых организмов и определить наиболее интересные и перспективные направления для экспериментальных исследований. Исходя из этого, работа С. А. Лейна по изучению эволюции регуляторных систем и путей метаболизма углеводов в широком наборе бактериальных геномов, безусловно, посвящена актуальной проблеме современной биологии.

Результаты диссертационной работы представлены в четырех главах, связанных общей темой реконструкции регуляторных и метаболических систем метаболизма углеводов – арабинозы, N-ацетилгалактозамина, центрального метаболизма углеводов и системы метаболизма углеводов в целом. В работе получен большой объем материала, относящийся как к регуляторным взаимодействиям, так и к метаболической реконструкции, а именно предсказанию и уточнению функции ранее неаннотированных и неполно аннотированных белков. Подход, основанный на сравнительной геномике, позволил автору получить интересные результаты для каждой из исследованных систем. В частности, сравнительно-геномный анализ позволил автору существенно улучшить аннотацию ферментов и транспортеров пути утилизации N-ацетилгалактозамина в более чем 20 видах бактерий. На примере регулона HexR показана эволюция локального регулятора в глобальный, под контролем которого находится одновременно несколько метаболических путей. Наши знания о транскрипционной регуляции в семействе *Bacillaceae* пополнились подробной информацией об 11 новых факторах транскрипции.



Lawrence Berkeley National Laboratory

One Cyclotron Road, MS DONNER
Berkeley, CA 94720

К сожалению, работа не лишена и некоторых недостатков. В частности, несколько досадных опечаток затрудняют работу с текстом. Например, на странице 8 утверждается, что в общем предке *Firmicutes* возник регулон, состоящий из генов «*araA*, *araB*, *araD* и *araE*», однако из контекста ясно, что вместо «*araB*» должно стоять «*araK*». На странице 16, во фразе «регулятор DegA из контролирует экспрессию» пропущено название организма. В таблице 1 исследуемые организмы обозначены трехбуквенными кодами, по которым сложно определить видовые имена.

Нужно отметить некоторую вольность автора с термином таксон. На странице 3 под термином «таксономическая группа» явно понимается класс. Далее данный термин используется в отношении порядков, семейств и родов, при этом не всегда указывая что имеется в виду в конкретном случае.

Тем не менее, указанные недостатки не снижают ценности полученных результатов. Работа является хорошо продуманным и законченным исследованием, проведенным на высоком научном уровне. Достоверность результатов не вызывает сомнений, а выводы хорошо обоснованы. Диссертационная работа С.А. Лейна удовлетворяет всем требованиям ВАК, а ее автор, несомненно, заслуживает присуждения ученой степени кандидата биологических наук по специальности 03.01.09 – «математическая биология, биоинформатика».

К. м. н., научный сотрудник отделения
физических бионаук Национальной Лаборатории
имени Лоуренса в Беркли.
США, Калифорния 94720, г. Беркли, Сайклотрон
Роуд, 1

старший научный сотрудник УНЦБ Института
проблем передачи информации имени А.А.
Харкевича РАН
127994, Россия, г. Москва, ГСП-4, Большой
Каретный переулок, 19, стр. 1.
Э/п: aekazakov@lbl.gov



Казаков А. Е

05.09.2014