

ОТЗЫВ

на автореферат диссертационной работы Науменко Сергея Анатольевича на тему «Динамика однолокусного мультиаллельного адаптивного ландшафта в молекулярной эволюции белок-кодирующих последовательностей ДНК», представленную к защите на соискание учёной степени кандидата биологических наук по специальности 03.01.09 — математическая биология, биоинформатика.

Одной из основных проблем современной эволюционной биологии является вопрос оценки вклада различных факторов – мутаций, отбора и дрейфа в процессе эволюции некоторого признака. Эту проблему можно исследовать в рамках молекулярной эволюции, проверяя гипотезы о влиянии каждого из факторов на динамику аллелей в филогенезе.

Первая часть диссертационной работы посвящена исследованию изменения приспособленностей аллелей некоторого локуса в белок-кодирующей последовательности ДНК. Сначала автор проводит теоретический анализ двух альтернативных вариантов объяснения увеличения различия в относительной приспособленности предкового и производного аллелей. В случае роста приспособленности производного аллеля при неизменности приспособленности предкового, модель предсказывает увеличение значения отношения частоты замен из производного в предковый аллель к частоте замен в любой другой аллель данного локуса. В случае если приспособленность производного аллеля остается неизменной, а предкового падает, данное отношение должно уменьшаться. Приведенный в работе анализ эволюции позвоночных и насекомых демонстрирует уменьшение отношения частоты обратных замен к частоте боковых замен, что соответствует случаю падения относительной приспособленности предкового аллеля до «фоновой». Данные результаты позволяют предположить, что одним из макроэволюционных трендов является накопление взаимозависимостей между аллелями разных локусов – усиление эпистаза. Наиболее вероятной причиной такого усиления может являться усложнение биологической организации в процессе эволюции, так как рост сложности обычно состоит в «надстраивании» уже имеющихся систем за счет добавления элементов, зависящих от уже имеющихся адаптаций. Таким образом, полученные результаты вносят важный вклад в понимание фундаментальных сценариев макроэволюции. Кроме этого, предложенный автором метод «нормирования» частоты прямых и обратных замен между двумя данными аллелями ко всем остальным «боковым» заменам может найти широкое применение в области биоинформатики для измерения относительной приспособленности аллелей.

Несмотря на свою краткость, вторая часть диссертационной работы представляется не менее важной. В ней рассматривается устойчивость аппарата трансляции к мутациям. Анализ возможных вариантов разметок стоп-кодона в генетическом коде показывает, что универсальный генетический код попадает в очень маленькое подмножество оптимальных разметок. При этом оптимальность достигается одновременно по двум критериям

