

Отзыв на автореферат диссертации
Ершовой Анны Степановны

«Анализ систем рестрикции-модификации в полногеномном контексте»,
представленной на соискание ученой степени кандидата биологических наук
по специальности 03.01.09 – «математическая биология, биоинформатика»

Системы рестрикции-модификации способны отличать собственную ДНК бактерии от чужеродной и уничтожать последнюю. Эти системы встречаются почти во всех известных геномах прокариот и имеют большое значение для проявления патогенности. В настоящее время интерес к системам рестрикции-модификации возраст, поскольку, благодаря появлению большого числа геномов, становится явной роль систем рестрикции-модификации в поддержании генетического разнообразия бактерий и регуляции экспрессии генов. Таким образом, изучение коэволюции бактерий и систем рестрикции-модификации является актуальной научной задачей современной биологии.

Диссертационная работа Ершовой А.С. имеет теоретический характер, результаты изложены в двух разделах. Автором проанализирован большой объем данных о системах рестрикции-модификации на основе более двух тысяч прокариотических геномов. В диссертации исследовано влияние систем рестрикции-модификации на встречаемость их сайтов в геномах бактерий-хозяев, а также обнаружены гены систем рестрикции-модификации, расположенные на большом расстоянии друг от друга (в работе их предложено называть рассредоточенными).

Основные результаты работы следующие: 1) показано наличие, а также предложен метод поиска рассредоточенных систем Р-М в геномах прокариот; 2) системы Р-М типа II, в отличие от систем Р-М типов I, III, IV, IIIC/G, как правило, вызывают недопредставленность своих сайтов в кодирующих их геномах; 3) продолжительность жизни систем Р-М влияет на недопредставленность их сайтов в данных геномах; 4) в геномах прокариот обнаруживается недопредставленность сайтов потерянных систем Р-М; 5) избегание сайта узнавания системы Р-М может быть адаптацией к горизонтальному переносу генов между бактериями.

Полученные данные представляют научный интерес и могут быть использованы для аннотации систем рестрикции-модификации во вновь секвенированных геномах, а также предсказания времени жизни систем рестрикции-модификации в геномах прокариот.

Не вызывает сомнений актуальность и научная ценность диссертационной работы, а также квалификация автора как исследователя. Результаты работы были опубликованы в трех статьях в рецензируемых журналах и представлены на множестве российских и международных конференций, что подтверждает достоверность полученных результатов.

Работа не лишена некоторых недостатков. Ввиду некоторой лаконичности

изложения, а также частого использования аббревиатур Р-М без указания на тип системы рестрикции-модификации, далеко не всегда является очевидным, идет ли речь о конкретном типе или же обо всех системах рестрикции-модификации в целом. К недостаткам можно отнести и отсутствие в тексте автореферата указаний на статистическую значимость наблюдаемых различий. Возможно, было бы полезно также объяснить выбранный порог недо- и перепредставленности сайтов (отношение наблюдаемого числа сайтов к ожидаемому 0,78 и 1,23, соответственно).

Указанные замечания, однако, ни в коей мере не снижают ценности полученных результатов и не влияют на общую высокую оценку диссертационной работы. Полученные диссидентом результаты представляют большой теоретический и практический интерес. Работа Ершовой А.С. «Анализ систем рестрикции-модификации в полигеномном контексте» удовлетворяет требованиям ВАК, предъявляемым к кандидатским диссертациям, а ее автор заслуживает присуждения ей степени кандидата биологических наук по специальности 03.01.09 – «математическая биология, биоинформатика».

Суворова Ильна Андреевна
стажер-исследователь

Учебно-научного центра «Биоинформатика»

Института проблем передачи информации имени А. А. Харкевича (ИППИ РАН)

inn1313@yandex.ru

+7-916-644-5093

03 октября 2016 года



Подпись Суворовой И.А.
Господину
вуз. науч. рук.
Ильину Е.А.