

Отзыв

на автореферат диссертации С.В. Денисова "Отбор и эпистаз в сайтах сплайсинга", представленной на соискание учёной степени кандидата биологических наук по специальности 03.01.09 – математическая биология, биоинформатика

В последнее десятилетие наблюдается стремительный рост полногеномных исследований, что несомненно помогает в решении многих биологических задач. Однако зачастую такие исследования носят преимущественно описательный характер, увеличивая объём доступных данных, но не углубляя понимания закономерностей в биологии, и, в частности, в эволюции.

По этой причине особенно приятно было читать автореферат диссертации С. В. Денисова, посвящённый фундаментальному анализу эволюции сайтов сплайсинга. В работе измерена сила отбора, действующая на нуклеотиды сайты сплайсинга. Было установлено, что отбор в целом благоприятствует консенсусным нуклеотидам, однако неконсенсусные нуклеотиды также могут находиться под отбором в определённых сайтах, что, как аргументирует автор, может объясняться тем, что в этих сайтах существуют дополнительные селекционные требования, вполне возможно не связанные со сплайсингом как таковым. Особенно интересно было узнать, что молодые сайты сплайсинга находятся под более сильным отбором, чем старые сайты, что говорит нам о функциональности и процессе адаптации молодых сайтов. Также автор исследовал влияние сайтов сплайсинга на эволюцию друг друга и установил ковариативность, вызванную эпистатическим отбором. В заключительной части автореферата приводится анализ консервативности гексануклеотида UGCAUG.

Автореферат изложен на 25 страницах доступным, но, возможно, местами слишком неформальным языком. Имеется некоторое количество опечаток, например "С цис-элементами связываются специальные белки и РНК-белковые комплексы (транс-факторы)." повторяется дважды. Также в отдельных местах объяснения выглядят несколько запутанными. Например, " $\#(Z \rightarrow X)$ и $\#(Z \rightarrow Y)$ – числа замен между нуклеотидом Z в геноме предка и нуклеотидом X (или Y, соответственно) в геноме потомка" на самом деле означает "число замен нуклеотида Z в геноме предка на нуклеотид X (или Y) в геноме потомка". Особенно сложен для понимания параграф про сайт-специфический отбор.

Однако данные замечания ни в коей мере не дают возможности усомниться в том, что С.В. Денисов сделал большой вклад в понимание эволюции сайтов сплайсинга и его работа удовлетворяет всем требованиям, предъявляемым к диссертациями на соискание учёной степени кандидата биологических наук.

Лёушкин Евгений Владимирович

к.б.н., научный сотрудник

центра молекулярной биологии г. Гейдельберга (ZMBH)

Heidelberg, Im Neuenheimer Feld, 282



Ruprecht-Karls-Universität Heidelberg
ZMBH
Im Neuenheimer Feld 282
D-69120 Heidelberg

Тел.: +491752124034, e-mail: e.leushkin@zmbh.uni-heidelberg.de