

ЗАКЛЮЧЕНИЕ ДИССЕРТАЦИОННОГО СОВЕТА Д002.077.04 НА БАЗЕ  
ФЕДЕРАЛЬНОГО ГОСУДАРСТВЕННОГО БЮДЖЕТНОГО УЧРЕЖДЕНИЯ  
НАУКИ ИНСТИТУТА ПРОБЛЕМ ПЕРЕДАЧИ ИНФОРМАЦИИ ИМ.  
А.А. ХАРКЕВИЧА РОССИЙСКОЙ АКАДЕМИИ НАУК ПО ДИССЕРТАЦИИ  
НА СОИСКАНИЕ УЧЕНОЙ СТЕПЕНИ ДОКТОРА БИОЛОГИЧЕСКИХ НАУК

Аттестационное дело № \_\_\_\_\_

Решение диссертационного совета  
от 25 июня 2018, протокол № 3

о присуждении Георгию Александровичу Базыкину, гражданину Российской Федерации, ученой степени доктора биологических наук.

**Диссертация** «Положительный и эпистатический отбор в эволюции аминокислотных последовательностей» **по специальности** 03.01.09 – математическая биология, биоинформатика **принята к защите** 22 марта 2018 года, протокол №2, диссертационным советом Д002.077.04 на базе Федерального государственного бюджетного учреждения науки Институт проблем передачи информации им. А.А. Харкевича Российской академии наук (127051, г. Москва, Большой Каретный переулок, д. 19, стр. 1, приказ о создании №978/нк от 16 декабря 2013 года).

**Соискатель** Базыкин Георгий Александрович, 1979 года рождения, в 2001 году окончил Московский государственный университет им. М.В. Ломоносова по специальности «Зоология» с присвоением квалификации зоолога. В 2002 году Г.А. Базыкин поступил в аспирантуру Принстонского университета (Принстон, США), где выполнил кандидатскую работу «Естественный отбор в молекулярной эволюции: геномный подход с использованием метода наибольшей экономии». Научный руководитель диссертационной работы – проф. Саймон Ашер Левин. Диссертация была

защищена 05.06.2007 в совете по специальности «Экология и эволюционная биология» с получением диплом доктора философии Принстонского университета. Решением Федеральной службы по надзору в сфере образования и науки от 2 октября 2008 г. №1909 была установлена эквивалентность документа о присуждении ученой степени (диплом доктора философии), выданного Базыкину Г.А., диплому государственного образца кандидата биологических наук, полученному в Российской Федерации (свидетельство ЭУС №00243, рег. номер 150-2008). С 2007 года по настоящее время Базыкин Г.А. работает в ИППИ РАН: с 02.04.2007 по 23.11.2007 – в Учебно-научном центре «Биоинформатика» в должности младшего научного сотрудника, с 24.11.2007 по 30.06.2008 – в секторе №4 молекулярной эволюции ИППИ РАН в должности и.о. заведующего сектором, с 01.07.2008 по настоящее время в секторе №4 молекулярной эволюции ИППИ РАН в должности заведующего сектором. Стаж научной работы после присвоения ученой степени кандидата биологических наук – 11 лет.

**Диссертация выполнена** в секторе №4 молекулярной эволюции Федерального государственного бюджетного учреждения науки Института проблем передачи информации им. А.А. Харкевича Российской академии наук (ИППИ РАН).

**Официальные оппоненты:**

**Орлов Юрий Львович**, доктор биологических наук, профессор РАН, Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Федеральный исследовательский центр Институт цитологии и генетики Сибирского отделения Российской академии наук» (ИЦиГ СО РАН), старший научный сотрудник,

**Кулаковский Иван Владимирович**, доктор биологических наук, Федеральное государственное бюджетное учреждение науки Институт молекулярной биологии им. В.А. Энгельгардта Российской академии наук (ИМБ РАН), ведущий научный сотрудник,

**Куликов Алексей Михайлович**, доктор биологических наук, Федеральное государственное бюджетное учреждение науки Институт биологии развития им. Н.К. Кольцова Российской академии наук (ИБР РАН), заместитель директора по научной работе

**дали положительные отзывы на диссертацию.**

**Ведущая организация** Федеральное государственное бюджетное учреждение науки Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова Российской академии наук (ИОГен РАН) **в своем положительном заключении, подписанном** Заведующей Лабораторией анализа генома ИОГен РАН им. Н.И. Вавилова д.б.н. Боринской Светланой Александровной и **утвержденном** директором Федерального государственного бюджетного учреждения науки Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова Российской академии наук д.б.н., проф. Кудрявцевым А.С., **отметила** актуальность темы диссертации, новизну и значимость полученных результатов, дала рекомендации по их практическому использованию и **указала, что** «имеет место ряд недостатков. Обзор литературы очень компактен... Встречаются опечатки... жаргонные фразы... Некоторые рисунки плохо откомментированы... Есть и другие недочеты», но работа соответствует Положению о порядке присуждения ученых степеней, а ее автор **заслуживает присуждения** ученой степени доктора биологических наук по специальности 03.01.09 – биоинформатика.

**В отзыве оппонента д.б.н., проф. РАН Орлова Ю.Л.**, давшего положительную общую оценку работе, приведен ряд стилистических и технических замечаний, касающихся отсутствия компьютерного кода в приложениях к диссертации, недостаточно полного обзора существующей литературы, оформления материала диссертации, опечаток, но указано, что «Сделанные замечания не снижают общей высокой оценки диссертационной работы». Приведены предложения по дальнейшему развитию исследования.

**В отзыве оппонента д.б.н. Кулаковского И.В.** дана высокая общая оценка работы. Приведены технические и стилистические замечания,

касающиеся структуры работы, неточности или неясности формулировок, недостатков оформления, опечаток и жаргонизмов. Указано, что «замечания... не снижают чрезвычайно позитивного впечатления от уровня представленной работы».

В отзыве **оппонента д.б.н. А.М. Куликова** дана высокая общая оценка работы. Приведены технические замечания, указаны смысловые опечатки. Указано, что «Указанные замечания имеют редакторский характер и ни в коей мере не умаляют общего значения данной работы».

По материалам диссертации соискателем **опубликовано 29 статей** в рецензируемых иностранных журналах (входят в Web of Science и Scopus):

1. Kryazhimskiy S., Bazykin G., Dushoff J. Natural selection for nucleotide usage at synonymous and non-synonymous sites in the influenza A genes // Journal of Virology. 2008. Vol. 82, № 10. Pp. 4938–4945.

2. Kryazhimskiy S., Bazykin G., Plotkin J., Dushoff J. Directionality in the evolution of influenza A hemagglutinin // Proceedings of the Royal Society B (Biological Sciences). 2008. Vol. 275, № 1650. Pp. 2455–2464.

3. Donmez N., Bazykin G., Brudno M, Kondrashov A. Polymorphism due to multiple amino acid substitutions at a codon site within *Ciona savignyi* // Genetics. 2009. Vol. 181. Pp. 685–690.

4. Vishnoi A., Kryazhimskiy S., Bazykin G., Hannenhalli S., Plotkin J. Young proteins experience more variable selection pressures than old proteins // Genome Research. 2010. Vol. 20, № 11. Pp. 1574-81.

5. Bazykin G., Kochetov A. Alternative translation start sites are conserved in eukaryotic genomes // Nucleic Acids Research. 2011. Vol. 39, № 2. Pp. 567-77.

6. Kryazhimskiy S., Dushoff J., Bazykin G., Plotkin J. Prevalence of epistasis in the evolution of influenza A surface proteins // PLoS Genetics. 2011. Vol. 7, № 2: e1001301.

7. Vakhrusheva A. A., Kazanov M. D., Mironov A. A., Bazykin G. A. Evolution of prokaryotic genes by shift of stop codons // Journal of Molecular Evolution. 2011. Vol. 72, № 2. Pp. 138–146.

8. Bazykin G. A., Kondrashov A. S. Detecting past positive selection through ongoing negative selection // *Genome Biology and Evolution*. 2011. Vol. 3. Pp. 1006–1013.
9. Leushkin E. V., Bazykin G. A., Kondrashov A.S. Insertions and deletions trigger adaptive walks in *Drosophila* proteins // *Proceedings of the Royal Society B (Biological Sciences)*. 2012. Vol. 279, № 1740. Pp. 3075–3082.
10. Naumenko S. A., Kondrashov A. S., Bazykin G. A. Fitness conferred by replaced amino acids declines with time // *Biology Letters*. 2012. Vol. 8, № 5. Pp. 825–828.
11. Bazykin G. A., Kondrashov A. S. Major role of positive selection in the evolution of conservative segments of *Drosophila* proteins // *Proceedings of the Royal Society B (Biological Sciences)*. 2012. Vol. 279, № 1742. Pp. 3409–3417.
12. Leushkin E. V., Bazykin G. A., Kondrashov A. S. Strong Mutational Bias Toward Deletions in the *Drosophila melanogaster* Genome Is Compensated by Selection // *Genome Biology and Evolution*. 2013. Vol. 5, № 3. Pp. 514–524.
13. Kurmangaliyev Y. Z., Sutormin R. A., Naumenko S. A., Bazykin G. A., Gelfand M. S. Functional implications of splicing polymorphisms in the human genome // *Human Molecular Genetics*. 2013. Vol. 22, № 17. Pp. 3449–3459.
14. Neverov A. D., Lezhnina K. V., Kondrashov A. S., Bazykin G. A. Intrasubtype reassortments cause adaptive amino acid replacements in H3N2 influenza genes // *PLOS Genetics*. 2014. Vol. 10, № 1: e1004037.
15. Denisov S. V., Bazykin G. A., Sutormin R., Favorov A. V., Mironov A. A., Gelfand M. S., Kondrashov A. S. Weak negative and positive selection and the drift load at splice sites // *Genome Biology and Evolution*. 2014. Vol. 6, № 6. Pp. 1437–1447.
16. Terekhanova N. V., Logacheva M. D., Penin A. A., Neretina T. V., Barmintseva A. E., Bazykin G. A., Kondrashov A. S., Mugue N. S. Fast Evolution from Precast Bricks: Genomics of Young Freshwater Populations of Threespine Stickleback *Gasterosteus aculeatus* // *PLOS Genetics*. 2014. Vol. 10, № 10: e1004696.

17. Hayward A. D., Virpi L., Bazykin G. A. Fitness consequences of advanced ancestral age over three generations in humans // PLOS One. 2015. Vol. 10, № 6: e0128197.

18. Neverov A. D., Kryazhimskiy S., Plotkin J. B., Bazykin G. A. Coordinated Evolution of Influenza A Surface Proteins // PLOS Genetics. 2015. Vol. 11, № 8: e1005404.

19. Baranova M. A., Logacheva M. D., Penin A. A., Seplyarskiy V. B., Safonova Y. Y., Naumenko S. A., Klepikova A. V., Gerasimov E. S., Bazykin G. A., James T. Y., Kondrashov A. S. Extraordinary genetic diversity in a wood decay mushroom // Molecular Biology and Evolution. 2015. Vol. 32, № 10. Pp. 2775–2783.

20. Bazykin G. A. Changing preferences: deformation of single position amino acid fitness landscapes and evolution of proteins // Biology Letters. 2015. Vol. 11, № 10.

21. Denisov S., Bazykin G., Favorov A., Mironov A., Gelfand M. Correlated Evolution of Nucleotide Positions within Splice Sites in Mammals // PLoS One. 2015. Vol. 10, № 12: e0144388.

22. Kainov Y., Aushev V., Naumenko S. A., Zborovskaya I., Bazykin G. A. Complex selection on human polyadenylation signals revealed by polymorphism data // Genome Biology and Evolution. 2016. Vol. 8, № 6. Pp. 1971–1979.

23. Naumenko S. A., Logacheva M. D., Popova N. V., Klepikova A. V., Penin A. A., Bazykin G. A., Etingova A. E., Mugue N. S., Kondrashov A. S., Yampolsky L. Y. Transcriptome-based phylogeny of endemic Lake Baikal amphipod species flock: fast speciation accompanied by frequent episodes of positive selection // Molecular Ecology. 2017. Vol. 26, № 2. Pp. 536–553.

24. Safina K. R., Mironov A. A., Bazykin G. A. Compensatory evolution of intrinsic transcription terminators in *Bacillus cereus* // Genome Biology and Evolution. 2017. Vol. 9, № 2. Pp. 340–349.

25. Sohail M., Vakhrusheva O. A., Sul J. H., Pulit S. L., Francioli L. C.; Genome of the Netherlands Consortium; Alzheimer's Disease Neuroimaging Initiative, van den Berg L. H., Veldink J. H., de Bakker P.I.W., Bazykin G. A.,

Kondrashov A. S., Sunyaev S. R. Negative selection in humans and fruit flies involves synergistic epistasis // *Science*. 2017. Vol. 356, № 6337. Pp. 539–542.

26. Klink GV, Bazykin GA. Parallel Evolution of Metazoan Mitochondrial Proteins // *Genome Biol Evol*. 2017. Vol. 9, № 5. Pp. 1341–1350.

27. Popadin K., Peischl S., Garieri M., Sailani M. R., Letourneau A., Santoni F., Lukowski S. W., Bazykin G. A., Nikolaev S., Meyer D., Excoffier L., Reymond A., Antonarakis S. E. Slightly deleterious genomic variants and transcriptome perturbations in Down syndrome embryonic selection // *Genome Research*. 2018. Vol. 28, № 1. Pp. 1–10.

28. Klink G. V., Golovin A. V., Bazykin G. A. Substitutions into amino acids that are pathogenic in human mitochondrial proteins are more frequent in lineages closely related to human than in distant lineages // *PeerJ*. 2017. Vol. 5: e4143.

29. Potapova N. A., Andrianova M. A., Bazykin G. A., Kondrashov A. S. Are Nonsense Alleles of *Drosophila melanogaster* Genes under Any Selection? // *Genome Biol Evol*. doi: 10.1093/gbe/evy032, 2018 [Epub ahead of print].

Одна статья по теме диссертации написана соискателем единолично. Еще в четырех статьях по теме диссертации автор выступает в качестве первого автора (в одной из них – с равным вкладом), и еще в девяти – в качестве последнего (ведущего) автора и/или автора, ответственного за переписку.

#### **На автореферат диссертации поступили отзывы от:**

1. **Графодатского Александра Сергеевича**, д.б.н., профессора, зав. Отделом разнообразия и эволюции геномов, Института молекулярной и клеточной биологии СО РАН, г. Новосибирск, Россия

2. **Пономаренко Михаила Павловича**, д.б.н., с.н.с. Лаборатории эволюционной биоинформатики и теоретической генетики ФГБНУ “Федеральный исследовательский центр институт цитологии и генетики Сибирского отделения Российской академии наук” (ФИЦ ИЦиГ СО РАН), г. Новосибирск, Россия

3. **Киреева Дмитрия Евгеньевича**, к.б.н., н.с. ФБУН Центрального НИИ эпидемиологии Роспотребнадзора, г. Москва

4. **Калининой Ольги Вячеславовны**, к.ф.-м.н., с.н.с. Института Информатики Общества Макса Планка, г. Саарбрюккен, Германия

5. **Евгеньева Михаила Борисовича**, д.б.н., профессора, зав. Лабораторией молекулярных механизмов биологической адаптации Института молекулярной биологии РАН, г. Москва

6. **Карягиной-Жулиной Анны Станиславовны**, д.б.н., профессора, г.н.с. Лаборатории биологически активных наноструктур ФГБУ “Национальный исследовательский центр эпидемиологии и микробиологии имени почетного академика Н.Ф. Гамалеи” Министерства здравоохранения Российской Федерации, г. Москва

7. **Аульченко Юрия Сергеевича**, д.б.н., в.н.с. Лаборатории рекомбиционного и сегрегационного анализа ФГБНУ “Федеральный исследовательский центр институт цитологии и генетики Сибирского отделения Российской академии наук” (ФИЦ ИЦиГ СО РАН), г. Новосибирск, Россия

8. **Колчанова Николая Александровича**, д.б.н., профессора, академика РАН, зав. Отдела системной биологии, научного руководителя ФГБНУ “Федеральный исследовательский центр институт цитологии и генетики Сибирского отделения Российской академии наук” (ФИЦ ИЦиГ СО РАН), г. Новосибирск, Россия

9. **Сукерника Рема Израилевича**, д.б.н., профессора, зав. Лабораторией молекулярной генетики человека, Института молекулярной и клеточной биологии СО РАН, г. Новосибирск, Россия

10. **Храмеевой Екатерина Евгеньевны**, к.б.н., н.с. Сколковского института науки и технологии, г. Москва

11. **Фаворова Александра Владимировича**, к.ф.-м.н., с.н.с. Лаборатории системной и вычислительной биологии Института общей генетики имени Н.И.



Вавилова РАН, г. Москва; н.с. отдела онкологической биostatистики Университета Джона Хопкинса, США

12. **Раменского Василия Евгеньевича**, к.ф.-м.н., в.н.с. Лаборатории геномной инженерии Московского физико-технического университета, г. Долгопрудный, Московская область

13. **Лебедева Юрия Борисовича**, д.б.н., профессора, зав. Лабораторией сравнительной и структурной геномики Института биоорганической химии им. академиков М.М. Шемякина и Ю.А. Овчинникова Российской академии наук, г. Москва

14. **Поволоцкой Инны Сергеевны**, PhD, заведующей отделом биоинформатического анализа данных Центра генетики и репродуктивной медицины «Генетико».

В отзывах отмечена актуальность биоинформатического анализа закономерностей эволюционного процесса и характера естественного отбора, действующего на аминокислотные последовательности, и важность полученных соискателем результатов. Авторы всех отзывов считают диссертацию соответствующей требованиям «Положения о порядке присуждения ученых степеней», а соискателя – заслуживающим присуждения ученой степени по специальности 03.01.09 – математическая биология, биоинформатика.

**Замечания в отзывах на автореферат:** В отзыве **М.П. Пономаренко** задан ряд дискуссионных вопросов, касающихся оценки доли адаптивных замен в эволюции линии *Homo sapiens*. В отзыве **О.В. Калининой** предложены направления дальнейших исследований. В отзыве **А.С. Карягиной-Жулиной** приведен ряд замечаний, касающихся расхождений между числом публикаций соискателя, указанных в разных местах автореферата, приведены вопросы о вкладе автора в каждый из разделов диссертации. В отзыве **И.С. Поволоцкой** задан дискуссионный вопрос о роли негативного эпистаза в формировании внутривидовой изменчивости. В отзывах **О.В. Калининой**, **А.С. Карягиной-**

**Жулиной, Н.А. Колчанова** приведен ряд замечаний, касающихся стиля, опечаток и жаргонизмов, указаны неточные формулировки.

В отзывах **А.С. Графодатского, Д.Е. Киреева, Е.Б. Евгеньева, Ю.С. Аульченко, Р.И. Сукерника, Е.Е. Храмеевой, А.В. Фаворова, В.Е. Раменского, Ю.Б. Лебедева** замечаний и дискуссионных комментариев нет.

**Выбор официальных оппонентов и ведущей организации обоснован** опубликованными ими работами по вопросам биоинформатики, в том числе по темам, относящимся к тематике диссертации, и безусловной компетентностью в биоинформатических исследованиях, в частности, в области популяционной и эволюционной геномики.

**Диссертационный совет отмечает, что на основании выполненных соискателем исследований:**

**разработана новая** концепция однопозиционного адаптивного ландшафта, показана ее методологическая полезность при исследовании поверхностей приспособленности. **Разработан** подход к оценке доли замен, произошедших под действием положительного отбора, основанный на совместном описании межвидовой и внутривидовой изменчивости, который по ряду характеристик **превосходит существующие методы**. Метод применен к эволюции человека и дрозофилы; **впервые показано**, что доля положительно отбираемых аминокислотных замен изменялась в ходе эволюции линии приматов, ведущей к человеку. С использованием двух независимых методов **впервые показано**, что доля положительно отбираемых аминокислотных замен в консервативных сегментах аминокислотной последовательности выше (а не ниже, как считалось ранее) таковой в быстро эволюционирующих сегментах. **Впервые разработан** метод анализа эпистатических взаимодействий между локусами в условиях неполного сцепления. С применением этого метода **впервые показано**, что эволюция лекарственной устойчивости вируса гриппа происходила вследствие предшествовавших «разрешающих» замен в других белках вируса. **Впервые показано**, что

скорость накопления аминокислотных замен белками вируса гриппа возрастает после реассортации, что важно для оценки времени распространения штамма, обладающего радикально новыми антигенными свойствами («антигенного сдвига»). Методами филогенетического футпринтинга **подтверждена** функциональность альтернативных сайтов инициации трансляции.

**Теоретическая значимость** исследования обусловлена тем, что получен ряд важных фундаментальных результатов в эволюционной и популяционной геномике. **Разработанный тест** на положительный отбор применим в широком классе случаев, когда имеются данные по межвидовой дивергенции и по внутривидовому полиморфизму. Он позволяет оценить долю замен, которым способствовал положительный отбор, среди всех аминокислотных замен, отдельно для различных этапов эволюционной истории вида. Оценка этой доли для модельных видов — человека и мухи дрозофилы — **позволяет описать** историю адаптивной эволюции у них. Установленное увеличение доли адаптивных замен с консервативностью аминокислотного сайта меняет существующие представления, согласно которым адаптивная эволюция имеет наибольшее значение в быстроэволюционирующих сайтах. Разработанные методы исследования изменений однопозиционных адаптивных ландшафтов в ходе эволюции позволяют оценить темп и характер этих изменений, что, в свою очередь, позволяет лучше понять ход эволюционного процесса. Описание скоординированной эволюции поверхностных белков вируса гриппа является первым систематическим описанием положительного межгенного эпистаза по реконструированным заменам, происходившим в ходе эволюции; однако разработанный с этой целью метод применим для поиска положительного эпистаза и в других системах с полным или частичным сцеплением между анализируемыми локусами. Впервые однозначно показана распространённость альтернативной инициации трансляции в геномах эукариот и её использование для сбалансированного производства N-концевых изоформ. Показана эволюционная лабильность положения стоп-кодонов.

**В ходе работы использованы** современные методы вычислительной биологии, биоинформатики, эволюционной и популяционной геномики. **Достоверность и воспроизводимость результатов** исследования обеспечены тщательным документированием использованных методов и открытой доступностью новых авторских вычислительных методов и промежуточных результатов.

С точки зрения **практической значимости** понимание структуры отбора на аминокислотные сайты патогенов и роли взаимодействий между сайтами в определении этого отбора необходимо для оптимизации профилактики и лечения вызываемых этими патогенами заболеваний, в т.ч. оптимизации выбора лекарственных средств и штаммов для вакцинации. Описанные взаимодействия с участием мутации устойчивости к озельтамивиру у вируса гриппа проясняют пути возникновения и распространения лекарственной устойчивости. Описанная связь между реассортациями и последующим антигенным дрейфом важна для моделирования последующего возникновения новых штаммов, в т.ч. для оценки вероятности распространения штамма вируса гриппа H5N1, патогенного для человека. Значение полученных результатов для практики подтверждается цитированием авторских публикаций, грантовой поддержкой работ (проекты, поддержанные Российским научным фондом, Российским фондом фундаментальных исследований и др.) и премиями от научных организаций.

Результаты представленной работы **могут использоваться** в учебном процессе и научных исследованиях, проводимых в организациях, работающих в области биоинформатики и молекулярной биологии, в том числе в Федеральном государственном бюджетном учреждении науки Институте биологии гена Российской академии наук, на биологическом факультете и факультете биоинженерии и биоинформатики МГУ им. М.В. Ломоносова, в Федеральном государственном бюджетном научном учреждении «Федеральный исследовательский центр Институт цитологии и генетики Сибирского отделения Российской академии наук», в Федеральном

государственном автономном образовательном учреждении высшего образования «Санкт-Петербургский политехнический университет Петра Великого», в Федеральном государственном бюджетном учреждении науки Институте белка Российской академии наук, Сколковском институте науки и технологии и в других научно-исследовательских и образовательных организациях.

**Материалы диссертации** полно изложены в опубликованных работах. **Вклад диссертанта** состоит в формулировании проблемы, разработки подходов к ее решению, постановке целей и задач, планировании и проведении вычислительных исследований, интерпретации и обобщении результатов. Представленные в диссертации результаты получены автором лично или под его руководством. Работа обладает внутренним единством, цельным изложением и внутренне непротиворечивыми выводами. По своему содержанию диссертация отвечает паспорту специальности «03.01.09 – математическая биология, биоинформатика».

Диссертационный совет пришел к выводу о том, что диссертация представляет собой завершенное научное исследование. По актуальности, новизне, объему и значимости проделанной работы диссертация безусловно соответствует требованиям установленным Положением «О порядке присуждения ученых степеней», утвержденных Постановлением Правительства Российской Федерации от 24 сентября 2013 г. №842, с изменениями Постановления Правительства Российской Федерации от 21 апреля 2016 г. №335, предъявляемым к диссертациям на соискание ученой степени доктора биологических наук.

На заседании 25 июня 2018 года диссертационный совет принял решение присудить Георгию Александровичу Базыкину **ученую степень доктора биологических наук** по специальности 03.01.09 – математическая биология, биоинформатика.

При проведении тайного голосования из **21** человека, входящих в состав диссертационного совета, в заседании участвовали **14** человек, из них **9** докторов наук по специальности рассматриваемой диссертации. Проголосовали за – **14**, против – **0**, недействительных бюллетеней – **0**.

Председатель

диссертационного совета Д002.077.04

д.б.н., профессор



М.С. Гельфанд

Ученый секретарь

диссертационного совета Д002.077.04

д.б.н., профессор

A handwritten signature in blue ink, likely belonging to G.I. Rozhkova.

Г.И. Рожкова