

ОТЗЫВ

на автореферат диссертации Базыкина Георгия Александровича

«ПОЛОЖИТЕЛЬНЫЙ И ЭПИСТАТИЧЕСКИЙ ОТБОР В ЭВОЛЮЦИИ АМИНОКИСЛОТНЫХ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЕ»

представленной на соискание ученой степени доктора биологических наук по специальности 03.01.09 — математическая биология, биоинформатика

Работа Базыкина Г.А. посвящена изучению адаптивного ландшафта, или поверхности приспособленности — функции, ставящей в соответствие каждому генотипу значение его приспособленности. Главной темой диссертационной работы является исследование естественного отбора и изменения характеристик этого отбора, действующего на аминокислотные сайты белок-кодирующих генов в ходе эволюции. Исследование проведено на большом количестве разнообразных биологических систем: вирусы, прокариоты, грибы, насекомые, асцидии, позвоночные.

Как совершенно справедливо пишет автор, развитие эволюционной геномики в последние годы в большой степени определялось развитием высокопроизводительных методов исследования генотипа и фенотипа. В автореферате делается обоснованный вывод, что применение подобных методов (одним из возможных путей здесь могут быть сопоставления детальных однопозиционных адаптивных ландшафтов различных популяций и видов) позволит добиться более глубокого понимания адаптивной динамики в модельных экспериментальных системах.

В исследовании был проведен детальный анализ межгенных эпистатических взаимодействий в модельной системе — вирусе гриппа А. Реассортации и точечные мутации — два фактора, вносящие наибольший вклад в разнообразие этого вируса.

Особенно интересным кажется обнаружение того факта, что мутации в гене нейраминидазы (NA) подтипа H1N1, определяющие устойчивость к озельтамивиру, по-видимому, были спровоцированы предшествовавшими мутациями в гене гемагглютинина (HA). Полученные автором результаты показывают, что поверхность приспособленности вирусного белка очень чувствительна к его геномному контексту, и свидетельствуют о том, что эволюция каждого отдельного белка должна рассматриваться в контексте всего эволюционирующего генома.

Приведенные результаты показывают, что у прокариот смещение стоп-кодонов, часто опосредованное предсуществующими тандемными тринуклеотидами, вносит недооцененный вклад в функциональную эволюцию длины гена.

Также весьма интересно обнаруженные сравнительно геномные свидетельства того, что альтернативные старт-кодоны находятся под действием отрицательного отбора у позвоночных, насекомых и дрожжей.

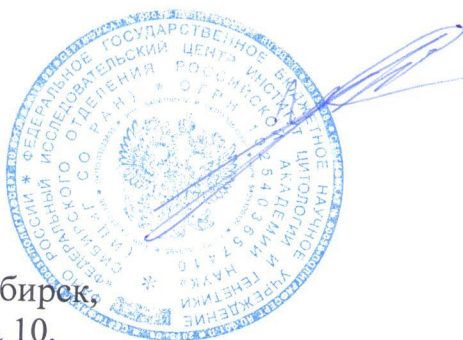
Необходимо отметить, что Г.А.Базыкин проделал весьма объемную и скрупулезную работу, результаты которой опубликованы в 29 статьях в высокоимпактных рецензируемых журналах.

В качестве чисто технических замечаний (не нуждающихся в ответах) можно указать, например выражение на стр.8 «Как и в других частях проекта...», явно вставленное из какой-то заявки и не отредактированное, а также на стр. 20 несогласованность предложения «Используя в качестве аутгруппа геном *Ciona*, ...».

Автореферат в полной мере описывает научные задачи, решаемые в диссертации, используемые методы и полученные результаты. Основные результаты работы опубликованы в периодических научных изданиях рекомендованных ВАК и успешно апробированы на большом количестве научных конференций.

Диссертационная работа Базыкина Г.А. отвечает требованиям ВАК, предъявляемым к докторским диссертациям, а ее автор заслуживает присуждения ученой степени доктора биологических наук по специальности 03.01.09 - математическая биология, биоинформатика.

Доктор биологических наук, (03.00.15 – «Генетика»),
Профессор, академик РАН
Научный руководитель ФИЦ Институт цитологии и генетики СО РАН,
Зав. Отдела системной биологии,



Колчанов Николай Александрович

630090, Новосибирск,
Пр.Лаврентьева 10,
Телефон: +7 (383) 363-49-80*1237
e-mail: kol@bionet.nsc.ru
Сайт: <http://www.bionet.nsc.ru/>

14.06.2018