

## ОТЗЫВ НА АВТОРЕФЕРАТ

**К.М. Климиной «Генетический анализ систем токсин-антитоксин суперсемейства RelBE у лактобацилл», представленный на соискание ученой степени кандидата биологических наук по специальности:**

**03.02.07 – Генетика.**

Диссертационная работа Климиной Ксении Михайловны посвящена генетическому анализу систем токсин-антитоксин суперсемейства RelBE у лактобацилл.

Развитие технологий высокопроизводительного секвенирования сделало возможным получение полногеномных последовательностей огромного количества видов и штаммов бактерий, а также получение информации о сообществах микроорганизмов в целом без необходимости выделения отдельных его компонентов.

Хотя возможность получать так называемые полно-метагеномные данные появилась сравнительно недавно, данных о результатах такого рода исследований уже накопилось значительное количество. Причем необходимо отметить значительную важность такого рода исследование не только для решения фундаментальных проблем, но и для решения практических задач. К примеру, можно надеяться, что с большой долей вероятности на их основе получится усовершенствовать диагностику и терапию такого класса заболеваний, как воспалительные заболевания кишечника.

Одной из ключевых проблем в анализе метагеномных данных является недостаточность существующих на данный момент генов-биомаркеров видовой и штаммовой идентификации бактериальных компонентов. Одним из результатов рассматриваемой диссертационной работы как раз и является разработка набора генов – биомаркеров на основе систем ТА, что, на мой взгляд, можно считать достаточно важным практическим результатом работы.

Диссертантом были поставлены следующие задачи.

- Создание и характеристика коллекции лактобацилл, выделенных из микробиоты здоровых людей центральных областей России.
- Анализ *in silico* ТА систем суперсемейства RelBE в секвенированных геномах лактобацилл и изучение полиморфизма и функционирования в клетках *E. coli* ТА систем из штаммов лабораторной коллекции.
- Изучение регуляции экспрессии ТА систем Yef-YoeB<sub>Lth</sub> у штаммов *L. rhamnosus*.
- Поиск и характеристика новых ТА систем у *L. helveticus*.
- Использование ТА систем в качестве биомаркеров для изучения штаммового разнообразия лактобацилл.

В автореферате приводится краткая информация о достигнутых результатах. Была проведена штаммовая идентификация коллекции из 62 штаммов лактобацилл. Проведен биоинформатический поиск и описана структура модулей ТА систем. Охарактеризован полиморфизм генов суперсемейства RelBE. Установлено, что штаммы лактобацилл демонстрируют, наряду с генным полиморфизмом, так называемый геномный полиморфизм, то есть наличие или отсутствие тех или иных генов в ТА системах. Было

также проведено изучение функционирования ТА систем у *E. coli*. Для ТА системы Yef-YoeB/Lth была изучена система регуляции экспрессии. На основе этих исследований была определена структура оперона для генов этой системы. Для 3-х штаммов *L. helveticus* было выявлено *in silico* 27 пар генов, предположительно относящихся к генам ТА систем. Так же автором была установлена возможность использования систем ТА как биомаркеров для идентификации штаммов лактобацилл.

В целом работа крайне актуальная, поскольку автором был проведен достаточно подробное исследование ТА систем у лактобацилл и на его основе предложены новые подходы для создания биомаркеров. Тем не менее, при чтении автореферата возникло несколько замечаний:

1. В разделе «Материалы и методы» указывается на использование некоего алгоритма или процедуры для предсказания генов, принадлежащих ТА системам. Но описание этого алгоритма не приводится и так же из текста автореферата не ясно, этот алгоритм создан автором или же используется какое-либо стороннее программное обеспечение.

2. В разделе «Материалы и методы» указано на то, что использовалась программа MEGA для построения филогенетического дерева, но в автореферате к сожалению дерево не приводится.

При этом, в целом, следует подчеркнуть большую потенциальную научную значимость работы. Научная новизна, актуальность работы и полученные результаты соответствуют требованиям ВАК, и автор диссертации, несомненно, заслуживает присуждения ученой степени кандидата биологической наук.

Научный сотрудник ИОГен РАН, к.ф-м.н.

Артём Сергеевич Касьянов

9 октября 2015г.

Федеральное государственное бюджетное учреждение науки Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова Российской академии наук (ИОГен РАН)  
119991, ГСП-1 Москва, ул. Губкина, д.3; тел: 8(499)135-62-13, iogen@vigg.ru

Подпись А.С. Касьянова заверяю,

Ученый секретарь ИОГен РАН, д.б.н.



О.А. Огаркова