

ОТЗЫВ

на автореферат диссертации Евсеева Петра Владимировича

Биоинформационные подходы к таксономической классификации бактериофагов»,
представленной на соискание ученой степени кандидата биологических наук по
специальности 1.5.8 – Математическая биология, биоинформатика

В соответствии с подходами, выработанными Международным комитетом по таксономии вирусов (ICTV), современная таксономическая классификация вирусов построена на использовании геномных данных, поэтому вопросы использования биоинформационных методов для классификации прокариотических вирусов (бактериофагов), рассмотренные в диссертации Евсеева П.В., являются важными как с теоретической, так и с практической точки зрения. Зачастую таксономическая классификация вновь выделенных бактериофагов осложнена из-за горизонтального генетического переноса, характерного для прокариот и их вирусов, следствием которого является мозаичное строение фаговых геномов. Второй причиной, затрудняющей классификацию прокариотических вирусов, является накопление генетических мутаций и быстрая эволюция вирусных геномов, что делает проблематичной кластеризацию высокоранговых таксонов. Поэтому современная таксономическая классификация бактериофагов требует использования разнообразных биоинформационных методов. Сравнительно небольшое число классифицированных бактериофагов на сегодняшний день, по сравнению с количеством новых обнаруженных фагов и секвенированных фаговых геномов, подчеркивает актуальность темы диссертационной работы Евсеева П.В.

Автореферат диссертации дает полноценное представление о содержании работы, хорошо структурирован и оставляет приятное впечатление. В автореферате убедительно показаны актуальность, научная новизна работы, описаны цели и задачи исследования, теоретическая и практическая значимость полученных результатов. Работа написана очень хорошим литературным языком, практически не содержит опечаток и неточностей.

В ходе работы автором была предложена и обоснована таксономическая классификация впервые выделенных бактериофагов, инфицирующих фитопатогенные бактерии родов *Pectobacterium* и *Curtobacterium*. Надо отметить, что геномные последовательности бактериофагов и профагов бактерий рода *Curtobacterium* были описаны П.В. Евсеевым впервые в мире, была выявлена мозаичная структура фаговых геномов и сложности их таксономической идентификации. В том числе, автором был

выявлен новый, оригинальный бактериофаг *Curtobacterium* Аука, который, по-видимому, является прототипным представителем нового семейства прокариотических вирусов. Автором также рассмотрены вопросы таксономической классификации фага с химерным геномом *Pseudomonas* MD8, использованы методы сравнения структурного сходства консервативных фаговых белков для выявления их эволюционных взаимосвязей. Автором проделан большой объем работы по анализу геномных данных и многосторонние филогенетические исследования. В работе использованы разнообразные биоинформационные методы, включая рекомендованные ICTV методы сравнения межгеномного сходства и филогенетического анализа.

Таким образом, исследование Евсеева П.В. вносит значительный вклад в исследование разнообразия геномов бактериальных вирусов и является примером комплексного биоинформационического подхода к таксономической классификации последних.

Автореферат диссертации Евсеева Петра Владимировича полностью отвечает требованиям, предъявляемым к работам подобного типа, а автор безусловно заслуживает присуждения ученой степени кандидата биологических наук по специальности 1.5.8 – Математическая биология, биоинформатика.

Старший научный сотрудник лаборатории молекулярной микробиологии ФГБУН «Институт химической биологии и фундаментальной медицины Сибирского отделения Российской академии наук», кандидат биологических наук

Морозова Вера Витальевна

8 июня 2023 года

Адрес:
630090, Новосибирск, пр. Ак. Лаврентьева, 8
Тел.: +7(383) 363 51 57; e-mail: morozova@niboch.nsc.ru

Подпись сотрудника ФГБУН
медицины Сибирского отделени

Ученый секретарь ИХБФМ СО
к.б.н.

иологии и фундаментальной
» удостоверяю:

Логашенко Е.Б.