

## О Т З Ы В

на автореферат диссертации Алены Николаевны Боровковой  
«Молекулярно-генетическое разнообразие культурных и природных дрожжей  
рода *Saccharomyces*»,  
представленной на соискание ученой степени кандидата биологических наук  
по специальностям 1.5.18 – Микология и 1.5.7 – Генетика

Автореферат диссертации А.Н. Боровковой производит сильное впечатление и убеждает меня в том, что квалификация автора соответствует степени кандидата биологических наук по двум специальностям: 1.5.18 – Микология и 1.5.7 – Генетика. Это масштабное и скрупулезное исследование более чем 500 штаммов дрожжей в масштабах планеты (европейские, североамериканские штаммы, западнокитайские, новозеландские, гавайские, африканские) охватывает 8 видов рода *Saccharomyces*, некоторые межвидовые гибриды и при необходимости близкие роды. Представлены результаты прецизионной методики кариотипирования методом пульс-электрофореза и последующей гибридизации по Саузерну, они документируют несколько диагностических межхромосомных транслокаций. Трудоемкий гибридологический анализ потребовал генетической маркировки штаммов и анализа тетрад, зато создана феерическая картина географических популяций *S. bayanus*, из которых новозеландская популяция и особенно западнокитайская находятся на пути генетического (видового) обособления. Новые данные о происхождении специфических к мальтозе  $\alpha$ -глюкозидаз MAL и IMA и особенно о происхождении, разнообразии и активности пектинолитических генов *PGU* дрожжей имеют хорошие шансы получить практическое применение в биотехнологии.

Научные вопросы поднимает рисунок 13 автореферата. А.Н. Боровкова показала в диссертации, что гены *PGU1m* и *PGU2m* у множества штаммов *S. mikatae* локализованы на хромосомах X и VIII соответственно. Логично предположить, что паралоги *1m* и *2m* приобрели современное расположение по хромосомам у общего предка *S. mikatae* и далее независимо накапливали мутации в каждой хромосоме. Вместо этого, согласно рисунку 13, наиболее похожи не ортолгоги *PGU1m* или *PGU2m*, а паралоги из одного штамма (пары генов из штаммов NBRC 10992 и NBRC 10994). Будто гены на разных хромосомах эволюционируют согласованно внутри одного генома, передают свои мутации друг другу. В автореферате это любопытное обстоятельство не комментируется.

Второй вопрос, по-видимому, связанный с первым вопросом по рисунку 13: почему из трех генов *PGU1b*, *PGU2b* и *PGU3b*, локализованных на хромосомах X, I и XIV, из любого штамма *S. bayanus*, а их А.Н. Боровкова исследовала множество, выделяется не более одного гена *PGU*? Какой генетический механизм делает идентичными гены *PGU* на трех хромосомах *S. bayanus*?

Владимир Вениаминович Алёшин  
доктор биологических наук, ведущий научный сотрудник отдела эволюционной биохимии  
Научно-исследовательского института физико-химической биологии имени  
А.Н. Белозерского МГУ,  
119991 Москва, Ленинские горы, МГУ имени М.В. Ломоносова, д. 1, стр. 40  
Тел. \_\_\_\_\_, e-mail: \_\_\_\_\_  
02 мая 2024 года