

## ОТЗЫВ

**на автореферат диссертации Андрея Викторовича Чаплина  
«Сравнительная геномика штаммов *Bifidobacterium longum*,  
выделенных из кишечника здоровых людей», представленной на  
соискание ученой степени кандидата медицинских наук по  
специальности 03.02.03 – микробиология**

Диссертация А.В. Чаплина посвящена одной из актуальных проблем современной микробиологии – микроэволюции и экологии штаммов бактерий, обитающих в кишечнике человека, конкретно – *Bifidobacterium longum*.

По результатам анализа известных и вновь секвенированных штаммов автору удалось сделать ряд интересных наблюдений, в частности, описать зависимость подвидов *B. longum* от возраста хозяина; продемонстрировать возможность долговременной персистенции одних и тех же или близких штаммов; количественно охарактеризовать вклад горизонтального переноса генов в эволюцию геномов. Автор описал как общие свойства пан-генома, так и конкретные функциональные группы генов, в частности, гликозил-гидролаз, имеющих важное значение для взаимодействия бактерий с хозяином.

Важной и крайне положительной особенностью диссертации является разнообразие и современность примененных методов при сохранении содержательного единства. При применении статистических методов автор продемонстрировал редкую, к сожалению, аккуратность, что также производит крайне благоприятное впечатление.

Пожалуй, единственным разделом, вызывающим вопросы, является исследование размера пан- и кор-генома (§ 5). По крайней мере в автореферате отсутствует мотивировка выбора степенной функции для оценки роста пан-генома и суммы степенной и линейной функций – для кор-генома. Кроме того, следует заметить, что функция, оценивающая число новых групп ортологов при добавлении нового штамма, по построению должна быть производной функции, приближающей размер пан-генома; впрочем, это приблизительно выполнено, коэффициенты второй формулы на стр. 18 получаются из коэффициентов первой формулы:

$$2007 \times 0,233 = 467,6 \approx 469,7; 0,233 - 1 = -0,767 \approx -0,76.$$

Поскольку скорость роста размера пан-генома невелика, стоило бы не ограничиваться указанием на его открытость – разрешения применяемых методов на самом деле недостаточно для этого вывода (скажем, вопреки сказанному на стр. 18,  $469,7 \times x^{-0,76} \rightarrow 0$  при  $x \rightarrow \infty$ ; к тому же рано или поздно начнет сказываться целочисленность количества генов в геноме), а

попытаться оценить его размер с использованием таких методов, как нижняя граница Чао (Chao, Biometrics, 1987) или биномиальная смесь (Snipen, Almoy, Ussery, BMC Genomics, 2009). Мне было бы также интересно увидеть результат аппроксимации U-кривой распределения числа ортологических групп по числу штаммов (рис. 4) – что сработает лучше, сумма трех степенных распределений по Кунину-Вольфу или сумма двух степенных по Гордиенко-Гельфанду? Впрочем, боюсь, что первая.

Сделанные комментарии ни в коей мере не снижают общей высокой оценки работы. Судя по автореферату и опубликованным статьям, диссертационная работа А.В. Чаплина «Сравнительная геномика штаммов *Bifidobacterium longum*, выделенных из кишечника здоровых людей» по актуальности, научной новизне и практической значимости результатов, объему проведенных исследований соответствует требованиям п. 9 Положения «О порядке присуждения ученых степеней», утвержденного Постановлением Правительства Российской Федерации № 842 от 24 сентября 2013 года, предъявляемым к диссертациям на соискание ученой степени кандидата медицинских наук, а ее автор заслуживает присуждения ученой степени кандидата медицинских наук по специальности 03.02.03 – микробиология.

Заместитель директора по научным вопросам  
Федерального государственного бюджетного учреждения науки  
Институт проблем передачи информации им. А.А. Харкевича  
Российской академии наук (ИППИ РАН)  
доктор биологических наук, профессор

М.С. Гельфанд



Михаил Сергеевич Гельфанд,  
ИППИ РАН, 127051, г. Москва, Большой Каретный переулок, д.19, стр. 1.  
тел. +7 (495) 650-42-25  
e-mail: gelfand@iitp.ru

