

**ЗАКЛЮЧЕНИЕ ДИССЕРТАЦИОННОГО СОВЕТА Д 212.232.12
НА БАЗЕ ФЕДЕРАЛЬНОГО ГОСУДАРСТВЕННОГО БЮДЖЕТНОГО
ОБРАЗОВАТЕЛЬНОГО УЧРЕЖДЕНИЯ ВЫСШЕГО ОБРАЗОВАНИЯ
«САНКТ-ПЕТЕРБУРГСКИЙ ГОСУДАРСТВЕННЫЙ УНИВЕРСИТЕТ»
ПО ДИССЕРТАЦИИ НА СОИСКАНИЕ УЧЁНОЙ СТЕПЕНИ
КАНДИДАТА НАУК**

аттестационное дело № _____

решение диссертационного совета «27» апреля 2017 г.

протокол № 34.06-12-1-6

О присуждении **Гинановой Виктории Ринатовне**, гражданке РФ, учёной степени кандидата биологических наук.

Диссертация «Разнообразие и тканеспецифичность продуктов гена *Nxf1* (nuclear export factor 1) *Drosophila melanogaster*, главного фактора ядерного экспорта мРНК» по специальности 03.02.07 – «генетика» принята к защите «09» февраля 2017 года, протокол № 34.06-12-2-1, диссертационным советом Д 212.232.12 на базе Федерального государственного бюджетного образовательного учреждения высшего образования «Санкт-Петербургский государственный университет», находящегося по адресу: 199034, Санкт-Петербург, Университетская наб. д. 7-9, СПбГУ, биологический факультет, кафедра генетики и биотехнологии. Диссертационный совет утвержден приказом о формировании совета № 105/нк от 11.04.2012 и приказом № 293/нк от 29.05.2014 о частичном изменении состава совета.

Соискатель Гинанова Виктория Ринатовна, 1990 года рождения, в 2013 году окончила магистратуру Федерального государственного бюджетного образовательного учреждения высшего образования «Санкт-Петербургский государственный университет». С сентября 2013 г. по сентябрь 2016 г. проходила обучение в очной аспирантуре в Федеральном государственном бюджетном образовательном учреждении высшего образования «Санкт-Петербургский государственный университет» на кафедре генетики и биотехнологии.

В период подготовки диссертации соискатель, Гинанова Виктория Ринатовна, работала в Санкт-Петербургском государственном университете: в Службе сопровождения образовательных программ по направлению биология Методического отдела по направлениям биология, история, психология и философия Управления образовательных программ ректората по направлениям биология, история, психология и философия в должности старшего лаборанта с 2014 по 2015 год; на Кафедре генетики и биотехнологии в должности младшего научного сотрудника работает с 2015 года по настоящее время.

Диссертационная работа выполнена на кафедре генетики и биотехнологии Федерального государственного бюджетного образовательного учреждения высшего образования «Санкт-Петербургский государственный университет».

Научный руководитель:

Мамон Людмила Андреевна, доктор биологических наук, старший научный сотрудник, профессор кафедры генетики и биотехнологии Федерального государственного бюджетного образовательного учреждения высшего образования «Санкт-Петербургский государственный университет».

Официальные оппоненты:

Саранцева Светлана Владимировна, доктор биологических наук по специальности 03.02.07 – «генетика», заместитель директора по научной работе в национальном исследовательском центре «Курчатовский институт» Федерального государственного бюджетного учреждения «Петербургский институт ядерной физики им. Б. П. Константинова»

Киселёв Антон Вячеславович, кандидат биологических наук по специальностям 03.00.04 – «биохимия» и 03.00.15 – «генетика», старший научный сотрудник в лаборатории пренатальной диагностики Федерального государственного бюджетного научного учреждения «Научно-исследовательский институт акушерства, гинекологии и репродуктологии им. Д. О. Отта»

дали положительные отзывы на диссертацию.

Ведущая организация, Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Институт цитологии» Российской академии наук (г. Санкт-Петербург, Тихорецкий пр. 4) предоставила положительное заключение, подписанное Борхсениусом Сергеем Николаевичем, доктором биологических наук по специальности 03.01.03 – «молекулярная биология», профессором, заведующим лабораторией Структурной организации генома. Заключение утверждено доктором биологических наук по специальности 03.02.04 – «зоология», доцентом по специальности 03.03.04 – «клеточная биология, цитология, гистология» Михайловой Натальей Аркадьевной, временно исполняющей обязанности директора ФГБНУ «Институт цитологии» РАН. В отзыве указано, что диссертация является законченным научно-квалификационным исследованием в области молекулярной генетики, содержит решение научной задачи, имеющей значение для понимания механизмов реализации генетической информации, общих для растений, животных и человека. В отзыве содержатся 2 вопроса: 1) Не могли бы Вы оценить уровень и характер гомологии инtronов 5 и 10 дрозофилы и млекопитающих, соответственно? 2) Имеются ли у Вас (или у Ваших коллег) конкретные предположения о физиологической роли белковых продуктов, которые могут синтезироваться на транскриптах генов-гомологов *Nxf1*, содержащих инtron?

Соискатель имеет 17 опубликованных работ, все по теме диссертации, в числе которых 3 статьи, опубликованные в рецензируемых научных журналах и коллективной монографии. Диссертант является первым автором одной из статей, в которой изложена часть результатов диссертационного исследования, касающаяся экспрессии гена *sbr* (*Dm nxf1*) в тканях семенников.

Список основных работ, опубликованных по теме диссертации:

1. Ginanova V., Golubkova E., Kliver S., Bychkova E., Markoska K., Ivankova N., Tretyakova I., Evgen'ev M., Mamon L. 2016. Testis-specific products of the *Drosophila melanogaster sbr* gene, encoding nuclear export factor 1, are

- necessary for male fertility. *Gene* 577 (2): 153-160.
2. Mamon L.A., Kliver S.F., Prosovskaya A.O., Ginanova V.R., Golubkova Ye.V. 2014. The intron-containing transcript: an evolutionarily conserved characteristic of the genes orthologous to *nxfl* (nuclear export factor 1). *Russian Journal of Genetics: Applied Research*, Vol. 4, No. 5, pp. 434–443 (версия на русском языке: Мамон Л.А., Кливер С.Ф., Просовская А.О., Гинанова В.Р., Голубкова Е.В. 2013. Инtron-содержащий транскрипт - эволюционно-консервативная особенность генов-ортологов *nxfl* (nuclear export factor). *Экологическая генетика №11(3)*, с. 3-13)
 3. Golubkova E., Mamon L., Nikulina A., Merezko M., Ginanova V. and Evgen'ev M. 2012. The Evolutionarily Conserved Family of Nuclear Export Factor (NXF) in *Drosophila Melanogaster*. *Drosophila Melanogaster: Life Cycle, Genetics*. Nova Biomedical Books, New-York, p. 63-82

На автореферат поступили 5 отзывов:

- от **Андреева Дмитрия Евгеньевича**, кандидата химических наук по специальности 02.00.10 – «биоорганическая химия», старшего научного сотрудника Научно-исследовательского института Физико-химической биологии им. А.Н. Белозерского Московского государственного университета. Отзыв положительный, содержит несколько замечаний. 1) Присутствует некоторая путаница в номенклатуре - так, в названии работы должен быть ген *sbr*, а не *Nxfl*, поскольку у *Drosophila* нет гена *Nxfl*. 2) Раздел 3.3 (про изучение intron retention у мыши) выглядит несколько притянутым, поскольку вся остальная работа посвящена дрозофиле, а не мыши. 3) Я не увидел того, что очень хотелось бы увидеть: хотя бы попытку начала поиска функции альтернативных протеоформ NXF1, хотя бы некоторое направление, в котором стоит развивать данную работу. Например, можно пытаться подавлять экспрессию альтернативных транскриптов, не трогая основной, например, при помощи siRNA интерференции или с помощью CRISPR-Cas, и смотреть на фенотип.

- от Демакова Сергея Анатольевича, доктора биологических наук по специальности 03.02.07 – «генетика», заведующего лабораторией хромосомной инженерии Института молекулярной и клеточной биологии Сибирского отделения Российской академии наук. Отзыв положительный, содержит несколько замечаний. 1) Отдельные стилистические и формальные неточности, например, частое использование фразы “первичная последовательность” (транскриптов) вместо более корректной “нуклеотидной последовательности”, использование англоязычной аббревиатуры в рисунках 4 и 7. 2) Кроме того, отсутствует информация о личном вкладе автора. 3) Неточно сформулированы защищаемые положения, которые во многом выглядят как заключение к работе.
- от Предеуса Александра Владимировича, Ph.D. in Chemistry of Michigan State University, что аналогично «кандидату химических наук», директора по научной работе Института биоинформатики. Отзыв положительный, содержит одно замечание. Большое количество экспериментов по полнотранскриптомному секвенированию мРНК *Drosophila melanogaster* есть в открытом доступе. Обработка этих экспериментов могла бы позволить провести полукаличественную оценку присутствия изоформ гена *sbr* в широком спектре изученных тканей, и, возможно, получить более полную картину регуляции этого гена.
- от Скоблова Михаила Юрьевича, кандидата биологических наук по специальности 03.02.07 – «генетика», заведующего лабораторией функциональной геномики Федерального государственного бюджетного научного учреждения «Медико-генетический научный центр». Отзыв положительный, содержит три замечания. 1) При анализе сплайсинга гена *sbr* были обнаружены транскрипты, содержащие пятый инtron. При этом в интроне находились протяжённые поли(A) последовательности, которые затрудняли идентификацию реального 3' конца. Была

предпринята попытка количественно определить содержание транскриптов с локусов до и после пятого интрана, однако она не дала ответа на поставленный вопрос. При этом насколько можно догадаться из автореферата, обратная транскрипция в этом эксперименте проводилась с олиго(dT) праймеров. Однако, оценить, являются ли протяжённые поли(A) последовательности в инtronе сайтами полиаденилирования или же участками для неспецифического затравления обратной транскрипции, можно было бы поставив данную реакцию с смеси случайных гексануклеотидных праймеров, или же с ген-специфичного праймера. 2) В результате работы было получено 19 потенциальных транскриптов гена *sbr*, однако не было проведено такой же тщательной работы по исследованию их экспрессии, которая бы позволила оценить их функциональность. 3) Для более ясного понимания очень не хватает рисунка, который бы отображал связь экзон-инtronной структуры гена с доменной организацией белка.

- от Пасюковой Елены Генриховны, доктора биологических наук по специальности 03.00.15 – «генетика», профессора, заведующей лабораторией геномной изменчивости Федерального государственного бюджетного научного учреждения «Институт молекулярной генетики» Российской академии наук. Отзыв положительный, содержит два замечания. 1) В тексте автореферата я не заметила объяснений того, какой именно из методов позволил получить информацию о соотношении различных транскриптов, отмеченных на рисунке 6. 2) Была ли исследована внутренняя структура транскриптов, представленная на рисунке 6?

В отзывах подчёркнуто применение современных молекулярно-генетических методов при выполнении исследования, чёткость формулировок цели, задач и выводов, несомненная научная новизна, присутствует заключение о том, что диссертант заслуживает присвоения учёной степени кандидата биологических наук.

Выбор официальных оппонентов и ведущей организации основан на высокой квалификации выбранных специалистов в области молекулярной генетики.

Диссертационный совет отмечает, что на основании выполненных соискателем исследований разработана научная идея о реализации функций, специфичных для определённых органов, различными альтернативными продуктами гена *sbr* (*Dm nxf1*); **предложены и доказаны** механизмы образования транскриптов гена *sbr* (*Dm nxf1*), уникальных для тканей семенников, яичников или головы взрослых особей *D. melanogaster*; **выявлены** две новые изоформы белка SBR, соответствующие транскриптам, которые начинаются в инtronе 3 гена *sbr* (*Dm nxf1*), и транскриптам, сохраняющим инtron 5; **введены обозначения** для двух открытых изоформ белка SBR: SBR-t (testes) и SBR-ir (intron retention).

Теоретическая значимость исследования состоит в том, что **доказана** изначальная гипотеза тканеспецифичной экспрессии альтернативных продуктов гена *sbr* (*Dm nxf1*). **Применительно к проблематике диссертации** **эффективно** использован комплексный подход к анализу точек старта транскрипции и сайтов полиденилирования на основе следующих методик: RACE-PCR с последующим секвенированием ампликонов, ПЦР в реальном времени, анализ данных высокопроизводительного секвенирования 5'-концов транскриптов CAGE-seq, поиск регуляторных последовательностей, описанных в литературе. В диссертации **изложены факты**, подтверждающие способность отдельных альтернативных транскриптов гена *sbr* (*Dm nxf1*) кодировать белок; **раскрыты** механизмы формирования установленных экспериментально 5' и 3' концов транскриптов гена *sbr* (*Dm nxf1*); **изучены** причины стерильности самцов-носителей мутантного аллеля *sbr*¹² *D. melanogaster*; **проведена** **модернизация** стандартного метода наработки антител путём использования синтетических пептидов в качестве антигенных детерминант и введения трёхстадийной очистки антител из сыворотки крови.

Значение полученных соискателем результатов исследования для

практики подтверждается тем, что разработан и внедрён алгоритм поиска и дизайна уникальных для протеома анализируемого организма и организма-продуцента антител, антигенных, гидрофильных пептидов для продукции антител; определена малая предсказательная сила имеющихся алгоритмов поиска промоторных областей генов, а также невозможность предсказать точку расщепления транскрипта в процессе полиаделинирования исходя из описанных в литературе сайтов; создана модель для проверки специфичной аффинности поликлональных антител кролика на основе рекомбинантных белков дрозофилы, синтезированных в бактериях *E. coli*; представлены доказательства полифункциональности гена *sbr* (*Dm nxf1*) у *D. melanogaster*, в основе которой лежит многообразие его продуктов (транскриптов и белков). Материалы диссертации были использованы при выполнении грантов РФФИ и отчётов по ним.

Оценка достоверности результатов исследования выявила:
результаты получены на сертифицированном оборудовании, данные, представленные в работе, являются достоверными и воспроизводимыми.

Теоретические обобщения построены на приведённых в работе и проверяемых результатах; идея работы **базируется** на предшествующих опубликованных результатах научной группы, а также на результатах других научных групп; **использованы** современные методы работы с последовательностями при анализе генов и белков семейства *Nxf* различных организмов, а также при анализе гомологичных инtronов 5 и 10 *D. melanogaster* и *M. musculus*, соответственно, результаты анализа были независимо подтверждены в опубликованных исследованиях группы под руководством Marie-Louise Hammarskjold; **установлено**, что данные соискателя согласуются с результатами, полученными ранее и описанными в литературе.

Личный вклад соискателя состоит в планировании и проведении всех экспериментов, интерпретации и представлении экспериментальных данных. Анализ данных CAGE-seq эксперимента и поиск уникальных пептидов

проводён С.Ф. Кливером, что отражено в тексте диссертации и автореферата. Подготовка результатов исследований к публикациям в рецензируемых изданиях была проведена вместе с соавторами.

Диссертационный совет пришел к выводу о том, что диссертация Гинановой Виктории Ринатовны является оригинальным, законченным научно-квалификационным исследованием, полностью отвечающим требованиям, предъявляемым к диссертациям на соискание степени кандидата биологических наук (п. 9 «Положения о порядке присуждения ученых степеней», утвержденного постановлением Правительства РФ от 24.09.2013 г. № 842).

На заседании 27 апреля 2017 г. диссертационный совет принял решение присудить Гинановой Виктории Ринатовне учёную степень кандидата биологических наук по специальности 03.02.07 – «генетика».

При проведении тайного голосования диссертационный совет в количестве 16 человек, из них 6 докторов наук по специальности 03.02.07 – «генетика», участвовавших в заседании, из 24 человек, входящих в состав совета, проголосовали: за присуждение ученой степени – 16, против присуждения ученой степени – нет, недействительных бюллетеней – нет.

Председатель диссертационного совета Д 212.232.12



д.б.н. С.Г. Инге-Вечтомов

Исполняющий обязанности учёного секретаря диссертационного совета



д.б.н. М.В. Падкина

27 апреля 2017 г.

ПРОТОКОЛ № 34.06-12-1-6 от 27.04.2017 г.
ЗАСЕДАНИЯ ДИССЕРТАЦИОННОГО СОВЕТА Д 212.232.12
при Федеральном государственном бюджетном образовательном
учреждении высшего образования
«Санкт-Петербургский государственный университет»
по защите диссертации Гинановой Виктории Ринатовны на тему
«Разнообразие и тканеспецифичность продуктов гена *Nxf1* (nuclear export
factor 1) *Drosophila melanogaster*, главного фактора ядерного экспорта мРНК»
на соискание учёной степени кандидата биологических наук
по специальности 03.02.07-«генетика»
от 27 апреля 2017 г.

ПРИСУТСТВОВАЛИ:

	Фамилия имя отчество	Учёная степень	Специальность
1	Инге-Вечтомов Сергей Георгиевич	д.б.н.	03.02.07
2	Дондуа Арчил Карпезович	д.б.н.	03.03.05
3	Мамон Людмила Андреевна	д.б.н.	03.03.05
4	Баранов Владислав Сергеевич	д.м.н.	03.02.07
5	Боголюбов Дмитрий Сергеевич	д.б.н.	03.03.05
6	Гагинская Елена Романовна	д.б.н.	03.03.05
7	Даев Евгений Владиславович	д.б.н.	03.02.07
8	Десницкий Алексей Григорьевич	д.б.н.	03.03.05
9	Журавлева Галина Анатольевна	д.б.н.	03.02.07
10	Краснощекова Елена Ивановна	д.б.н.	03.03.04
11	Кудрявцев Борис Николаевич	д.б.н.	03.03.04
12	Обухов Дмитрий Константинович	д.б.н.	03.03.04
13	Падкина Марина Владимировна	д.б.н.	03.03.04
14	Пиневич Александр Васильевич	д.б.н.	03.03.04
15	Самбук Елена Викторовна	д.б.н.	03.02.07
16	Смирнов Александр Федорович	д.б.н.	03.02.07

ПОВЕСТКА ДНЯ

Защита диссертации Гинановой Виктории Ринатовны на тему «Разнообразие и тканеспецифичность продуктов гена *Nxf1* (nuclear export factor 1)

Drosophila melanogaster, главного фактора ядерного экспорта мРНК» на соискание ученой степени кандидата биологических наук по специальности 03.02.07-«генетика».

Слушали:

доклад Гинановой Виктории Ринатовны по теме диссертации «Разнообразие и тканеспецифичность продуктов гена *Nxf1* (nuclear export factor 1) *Drosophila melanogaster*, главного фактора ядерного экспорта мРНК» по специальности 03.02.07-«генетика».

По докладу вопросы задавали:

д.б.н. Е.Р. Гагинская, д.б.н. С.Г. Ингё-Вечтомов, д.б.н. Е.И. Краснощёкова, д.б.н. Д.С. Боголюбов, д.м.н. В.С. Баранов, д.б.н. А.К. Дондуа

Выступление научного руководителя д.б.н., ст.н.с. Мамон Л.А.

Оглашение учёным секретарем заключения ведущей организации и отзывов на автореферат:

Ведущая организация, Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Институт цитологии» Российской академии наук, г. Санкт-Петербург, Тихорецкий пр., 4, предоставила положительное заключение, подписанное Борхсениусом Сергеем Николаевичем, доктором биологических наук по специальности 03.01.03 – «молекулярная биология», профессором, заведующим лабораторией Структурной организации генома. Заключение утверждено доктором биологических наук по специальностям 03.02.04 – «зоология», доцентом по специальности 03.03.04 – «клеточная биология, цитология, гистология» Михайловой Натальей Аркадьевной, временно исполняющей обязанности директора ФГБНУ «Институт цитологии» Российской академии наук. В отзыве указано, что диссертация является законченным научно-квалификационным исследованием в области молекулярной генетики, содержит решение научной задачи, имеющей значение для понимания механизмов реализации генетической информации, общих для растений, животных и человека. В отзыве содержатся 2 вопроса: 1) Не могли

бы Вы оценить уровень и характер гомологии инtronов 5 и 10 дрозофилы и млекопитающих, соответственно? 2) Имеются ли у Вас (или у Ваших коллег) конкретные предположения о физиологической роли белковых продуктов, которые могут синтезироваться на транскриптах генов-гомологов *Nxf1*, содержащих инtron?

Отзывы на автореферат получены:

- от **Андреева Дмитрия Евгеньевича**, кандидата химических наук по специальности 02.00.10 – «биоорганическая химия», старшего научного сотрудника Научно-исследовательского института Физико-химической биологии им. А.Н. Белозерского Московского государственного университета. Отзыв положительный, содержит несколько замечаний. Присутствует некоторая путаница в номенклатуре - так, в названии работы должен быть ген *sbr*, а не *Nxf1*, поскольку у *Drosophila* нет гена *Nxf1*. Раздел 3.3 (про изучение intron retention у мыши) выглядит несколько притянутым, поскольку вся остальная работа посвящена дрозофиле, а не мыши. Я не увидел того, что очень хотелось бы увидеть: хотя бы попытку начала поиска функции альтернативных протеоформ NXF1, хотя бы некоторое направление, в котором стоит развивать данную работу. Например, можно пытаться подавлять экспрессию альтернативных транскриптов, не трогая основной, например, при помощи siRNA интерференции или с помощью CRISPR-Cas, и смотреть на фенотип.
- от **Демакова Сергея Анатольевича**, доктора биологических наук по специальности 03.02.07 – «генетика», заведующего лабораторией хромосомной инженерии Института молекулярной и клеточной биологии Сибирского отделения Российской академии наук. Отзыв положительный, содержит несколько замечаний. Отдельные стилистические и формальные неточности, например, частое использование фразы “первичная последовательность” (транскриптов) вместо более корректной “нуклеотидной последовательности”,

использование англоязычной аббревиатуры в рисунках 4 и 7. Кроме того, отсутствует информация о личном вкладе автора. Неточно сформулированы защищаемые положения, которые во многом выглядят как заключение к работе.

- от Предеуса Александра Владимировича, Ph.D. in Chemistry of Michigan State University, что аналогично «кандидату химических наук», директора по научной работе Института биоинформатики. Отзыв положительный, содержит одно замечание. Большое количество экспериментов по полнотранскриптомному секвенированию мРНК *Drosophila melanogaster* есть в открытом доступе. Обработка этих экспериментов могла бы позволить провести полукаличественную оценку присутствия изоформ гена *sbr* в широком спектре изученных тканей, и, возможно, получить более полную картину регуляции этого гена.
- от Скоблова Михаила Юрьевича, кандидата биологических наук по специальности 03.02.07 – «генетика», заведующего лабораторией функциональной геномики Федерального государственного бюджетного научного учреждения «Медико-генетический научный центр». Отзыв положительный, содержит три замечания. При анализе сплайсинга гена *sbr* были обнаружены транскрипты, содержащие пятый инtron. При этом в интроне находились протяжённые поли(A) последовательности, которые затрудняли идентификацию реального 3' конца. Была предпринята попытка количественно определить содержание транскриптов с локусов до и после пятого интрана, однако она не дала ответа на поставленный вопрос. При этом насколько можно догадаться из автореферата, обратная транскрипция в этом эксперименте проводилась с олиго(dT) праймеров. Однако, оценить являются ли протяжённые поли(A) последовательности в интроне сайтами полиаденилирования или же участками для неспецифического затравления обратной транскрипции можно было бы поставив данную реакцию с смеси случайных

гексануклеотидных праймеров, или же с ген-специфичного праймера. Вторых, в результате работы было получено 19 потенциальных транскриптов гена *sbr*, однако не было проведено такой же тщательной работы по исследованию их экспрессии, которая бы позволила оценить их функциональность. В-третьих, для более ясного понимания очень не хватает рисунка, который бы отображал связь экзон-инtronной структуры гена с доменной организацией белка.

- от **Пасюковой Елены Генриховны**, доктора биологических наук по специальности 03.00.15 – «генетика», профессора, заведующей лабораторией геномной изменчивости Федерального государственного бюджетного научного учреждения «Институт молекулярной генетики» Российской академии наук. Отзыв положительный, содержит два замечания. В тексте автореферата я не заметила объяснений того, какой именно из методов позволил получить информацию о соотношении различных транскриптов, отмеченных на рисунке 6. Была ли исследована внутренняя структура транскриптов, представленная на рисунке 6?

Ответы на замечания ведущей организации и вопросы из отзывов на автореферат диссертации.

Выступление официального оппонента **Киселёва Антона Вячеславовича**, кандидата биологических наук по специальностям 03.00.04 – «биохимия» и 03.00.15 – «генетика», старшего научного сотрудника в лаборатории пренатальной диагностики Федерального государственного бюджетного научного учреждения «Научно-исследовательский институт акушерства, гинекологии и репродуктологии им. Д. О. Отта».

Зачитывание отзыва официального оппонента **Саранцевой Светланы Владимировны**, доктора биологических наук по специальности 03.02.07 – «генетика», заместителя директора по научной работе в национальном исследовательском центре «Курчатовский институт» Федерального государственного бюджетного учреждения «Петербургский институт ядерной

физики им. Б. П. Константинова».

Ответы на замечания оппонентов.

В дискуссии приняли участие: д.б.н. Д.С. Боголюбов, д.б.н. С.Г. Ингеман, Вечтомов, д.б.н. Е.Р. Гагинская.

Выборы счётной комиссии. В счётную комиссию единогласно были избраны: д.б.н. Е.Р. Гагинская, д.б.н. Б.Н. Кудрявцев, д.б.н. Д.К. Обухов.

Диссертационный совет пришел к выводу о том, что диссертация Гинановой Виктории Ринатовны является оригинальным, законченным (в рамках поставленных задач) научно-квалификационным исследованием, полностью отвечающим требованиям, предъявляемым к диссертациям на соискание степени кандидата биологических наук (п. 9 «Положения о порядке присуждения ученых степеней», утвержденного постановлением Правительства РФ от 24.09.2013 г. № 842).

При проведении тайного голосования диссертационный совет в количестве 16 человек, из них 6 докторов наук по специальности 03.02.07-«генетика», участвующих в заседании, из 24 человек, входящих в состав совета, проголосовали: за присуждение ученой степени - 16, против присуждения ученой степени - нет, недействительных бюллетеней – нет.

На заседании 27 апреля 2017 г. диссертационный совет принял решение присудить Гинановой Виктории Ринатовне учёную степень кандидата биологических наук по специальности 03.02.07 – «генетика».

27 апреля 2017 г.

Председатель диссертационного совета Д 212.232.12

д.б.н. Инге-Вечтомов С.Г.



Исполняющий обязанности
учёного секретаря диссертационного совета Д 212.232.12

Made

д.б.н. Падкина М.В.