

ОТЗЫВ

на автореферат диссертационной работы БОГОМОЛОВА Антона Геннадьевича «Разработка метода визуализации хромосомспецифичных последовательностей ДНК при проведении FISH», представленный на соискание ученой степени кандидата биологических наук по специальности 03.01.09 – математическая биология, биоинформатика.

В настоящее время флуоресцентная гибридизация *in situ*, или FISH является основным методом исследования хромосом высших организмов. С его помощью получено много интересных данных по организации хромосом и ядер на разных стадиях клеточного цикла, проводится прямое физическое картирование хромосом разных объектов. FISH используется для идентификации хромосом и хромосомных перестроек, в исследованиях эволюции кариотипа и множестве других областей биологии и медицины. Значительный прогресс в области молекулярной цитогенетики обусловлен как развитием методов геномики, секвенирования и биоинформатики, так и совершенствованием микроскопической техники, а также разработкой специализированных программ анализа изображения. Создание таких программ особенно актуально для дифференцировки специфических сигналов с целью идентификации протяженных участков гомологии хромосом видов, характеризующихся избыточным содержанием диспергированных повторяющихся последовательностей в геноме. В связи с этим, диссертационная работа Богомолова А.Г. является высоко актуальной.

При выполнении поставленных задач диссертантом были разработаны метод VISSIS и программное обеспечение, получившее название VisualCS и подтвержденное патентом, которые были использованы для выявления и анализа хромосома-специфичных сигналов, полученных методом двухцветной FISH, с использованием ДНК зондов из целых хромосом. Полученные результаты проиллюстрированы микрофотографиями высокого качества, которые свидетельствуют о корректности проведенного анализа. Автор доказал эффективность разработанного метода в отношении снижения интенсивности неспецифичных сигналов, обусловленных наличием диспергированных повторов, и на основании полученных данных предложил оптимальные комбинации проб разных хромосом человека для проведения двухцветной FISH без супрессии гибридизации повторяющихся последовательностей ДНК с последующей компьютерной обработкой методом VISSIS. Этот подход представляет значительный практический интерес, поскольку позволит существенно снизить стоимость анализа.

Далее А.Г. Богомолов показал эффективность применения разработанного им подхода для исследования хромосом объектов, у которых сложно или невозможно

использовать метод CISS-гибридизации (саранчовые, описторхиды). В частности, с помощью метода VISSIS им была впервые установлена гомеология крупных С-негативных районов половых хромосом нео-Х и нео-У при сравнительном анализе 19 видов саранчовых семейства *Pamphagidae*.

Работа А.Г. Богомолова построена по традиционному плану. Название диссертации соответствует ее содержанию, а выводы достоверны и обоснованны. Содержание диссертации достаточно полно отражено в пяти опубликованных статьях, в том числе трех зарубежных. На основании вышеизложенного можно заключить, что диссертационная работа А.Г. Богомолова представляет собой научно-квалификационную работу, полностью соответствующую пп. 9-14 «Положения о порядке присуждения ученых степеней», утвержденного постановлением Правительства РФ № 842 от 24 сентября 2013 г., а ее автор – **Богомолов** Антон Геннадьевич заслуживает присуждения искомой степени кандидата биологических наук по специальности 03.01.09 – математическая биология, биоинформатика.

20 мая 2019 г.

*Ведущий научный сотрудник
лаборатории генетических основ
идентификации растений Федерального
государственного бюджетного учреждения
науки Института общей
генетики им. Н.И. Вавилова РАН
117333, Москва, ул. Губкина 3.
Тел: 8(499) 135 -0460;
e-mail: katerinabadaeva@gmail.com*

докт. биол. наук

Е.Д.Бадаева

Подпись Е.Д. Бадаевой заверяю:

Зам. директора ИОГен РАН

С.А. Брускин

