

Отзыв на автореферат диссертации Богомолова Антона Геннадьевича «РАЗРАБОТКА МЕТОДА ВИЗУАЛИЗАЦИИ ХРОМОСОМОСПЕЦИФИЧНЫХ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЕЙ ДНК ПРИ ПРОВЕДЕНИИ FISH», представленной на соискание ученой степени кандидата биологических наук по специальности 03.01.09 Математическая биология, биоинформатика

Успех и ценность кариологических исследований в огромной степени зависят как от методов кариотипирования и уровня развития приборов и техники микрофотографирования, так и в огромной степени от методов анализа изображения. Для современной биологии и медицины одним из самых современных и перспективных направлений, связанных с изображением хромосом, становится компьютерное моделирование экспериментов (*in silico*). Новый подход позволяет решать задачи в таких областях, где другие методы не работают или работают недостаточно эффективно. Важной практической задачей является усовершенствование компьютерного анализа для проведения сравнительного изучения хромосом с использованием FISH, когда не всегда четко получается дифференцировать специфичные сигналы последовательностей ДНК без дополнительных обработок (супрессионной гибридизации *in situ*, CISS). В настоящей работе представлен новый метод для визуализации и анализа сигналов хромосомоспецифичных последовательностей ДНК (VISSIS), полученных при проведении двухцветной FISH ДНК-проб из целых хромосом, разработанный на основе оригинального программного обеспечения (VisualCS). Материалом для сравнительного изучения послужили цифровые изображения сигналов FISH хромосомоспецифичных последовательностей ДНК у представителей трех геномных групп, существенно различающихся по размеру генома и доле повторяющихся последовательностей (млекопитающие в лице человека, прямокрылые насекомые и паразитические трематоды). Суть предлагаемого метода состоит в способе компьютерной оценки интенсивности сигнала. Автором выявлены определенные достоинства и недостатки предложенного метода VISSIS в сравнении с другим аналогичным методом. В работе показаны существенные преимущества нового метода для корректного распознавания слабого сигнала на хромосомах человека, визуализации трудно распознаваемых сигналов хромосомоспецифичных последовательностей ДНК на изображениях объектов с разной интенсивностью сигнала, их сегментации и классификации у саранчевых и описторхид. Впервые на основе разработанного метода автором получен интересный научный результат – идентифицированы гомологичные районы на половых хромосомах у большой группы (19 видов) саранчевых. Метод, к тому же, не только может быть полезным для повышения эффективности сравнительно-цитогенетического изучения на самых разных группах организмов, но обещает быть и менее затратным. По теме, как и по содержанию, данное диссертационное исследование является актуальным научным трудом, отвечающим стандартным требованиям, предъявляемым к защите кандидатских диссертаций, а его автор, Богомолов Антон Геннадьевич, вне всякого сомнения, заслуживает искомой степени кандидата биологических наук по специальности 03.01.09 Математическая биология, биоинформатика.

Снс лаборатории микроэволюции млекопитающих ИПЭЭ имени А.Н. Северцова РАН, к.б.н.

Булатова

Булатова Н.Ш.

Снс лаборатории микроэволюции млекопитающих ИПЭЭ имени А.Н. Северцова РАН, к.б.н.

Наджафова

Наджафова Р.С.



Подпись *Булатовой Н.Ш.*
Завещаю, зав. канц. ИПЭЭ РАН
30 " 04 2019 г.

Подпись *Наджафовой Р.С.*
Завещаю, зав. канц. ИПЭЭ РАН
" 30 " 04 2019 г.