

ОТЗЫВ

на автореферат диссертации **Ф.В. Казанцева**

«Интегрированная информационно-компьютерная платформа для исследования молекулярно-генетических систем»,

представленной на соискание ученой степени кандидата биологических наук
по специальности 03.01.19 – Математическая биология, биоинформатика

Диссертационное исследование Федора Владимировича Казанцева посвящено разработке и развитию методов, алгоритмов и программ для построения и анализа иерархических математических моделей молекулярно-генетических систем и решение с их помощью содержательных задач системной биологии. Работа соискателя – один из важных шагов в развитии разработанной в ИЦиГе СО РАН концепции/языке моделирования SiBML, предназначенной для реконструкции комплексных многокомпарментных моделей в полуавтоматическом режиме с применением современных вычислительных возможностей. Сосредоточенность автора на развитии методов компьютерного моделирования с использованием современных методов и технологий программирования и высокопроизводительных вычислительных систем представляется и обоснованной, и современной.

В ходе выполнения работы, соискатель не только сумел успешно выполнить поставленные задачи исследования, но и получить попутно много ярких, интересных содержательных результатов как общеметодологического, так и прикладного характера.

Наиболее важными мне представляются результаты, достигнутые соискателем в области развития компьютерного моделирования молекулярно-генетических систем. Следует отметить, что разработанный автором на основе современных методов и технологий программирования оригинальный компьютерный инструмент MGSmodeller для реконструкции моделей молекулярно-генетических систем широкого профиля, основанный на принципах блочно-модульной концепции моделирования, позволяет проводить комплексный анализ моделей с применением высокопроизводительных вычислительных систем. Эта разработка выполнена автором на высоком профессиональном уровне и удовлетворяет самым взыскательным требованиям.

Применение разработанной соискателем интегральной информационно-компьютерной платформы позволило решить ряд конкретных молекулярно-генетических задач и получить интересные содержательные результаты. Особенно интересным мне представляется исследование распределения фитогормона ауксина в структуре клеток корня, которое позволило выявить минимальный и достаточный набор белков транспортёров ауксина для обеспечения нормальной работы корня растения *Arabidopsis thaliana*. Весьма впечатляет тот факт, что предсказанное в вычислительных экспериментах увеличение концентрации морфогена (ауксина) в клетках эпидермиса, кортекса и эндодермы при воздействии низкими концентрациями экзогенной салициловой кислоты, и связанное с этим увеличение интенсивности делений в этих тканях, было подтверждено экспериментально группой Клауса Пальме в университете города Фрайбург.

Все основные результаты и выводы диссертации сформулированы ясно и убедительно, логически подводят итог проведенного исследования.

Новизна и своевременность работы несомненны.

Результаты диссертационного исследования опубликованы в авторитетных научных изданиях. Апробация работы прошла на серьезных научных форумах.

Представленные иллюстративные материалы наглядны и эффективно выполняют возложенные на них демонстративные функции.

Вместе с тем представленное диссертационное исследование очень хорошо демонстрирует насколько далеко ушло современное компьютерное моделирование от первоначальных постановок и моделей. В работе (по крайней мере, в автореферате), посвященной математическому моделированию, не приведено ни одного конкретного уравнения. Все «зашиито» в блочно-модульной структуре, которой фактически описывается модель рассматриваемых

молекулярно-генетических систем и процессов. Это безусловное достоинство подхода и характеристика высокой степени его развития. Но это и порождение проблем, связанных с анализом причинно-следственных связей и независимой воспроизводимостью результатов. Однако, наличие и обсуждение этих проблем, безусловно, выходят за рамки данной работы и никак не умаляют общего очень приятного впечатления от представленного диссертационного исследования.

Судя по автореферату, представленная работа «Интегрированная информационно-компьютерная платформа для исследования молекулярно-генетических систем», несомненно, соответствует требованиям и уровню диссертационного исследования на соискание ученой степени кандидата биологических наук по специальности 03.01.19 – «Математическая биология, биоинформатика», а ее автор, Федор Владимирович Казанцев, заслуживает присуждения искомой степени.

Фрисман Ефим Яковлевич
доктор биологических наук, профессор
член-корреспондент РАН
главный научный сотрудник
Институт комплексного анализа региональных проблем ДВО РАН,
679016, Биробиджан, ул. Шолом-Алейхема, 4
тел. 8-924-644-2545
E-mail: frisman@mail.ru



Подпись Е.Я. Фрисмана заверяю
Ученый секретарь Института комплексного анализа
региональных проблем ДВО РАН,
кандидат социологических наук
С.А. Соловченков