

ОТЗЫВ

На автореферат диссертации Клименко Александры Игоревны «Компьютерное моделирование генетической изменчивости в пространственно-распределенных микробных сообществах»

Диссертация А.И. Клименко посвящена моделированию генетической изменчивости микробных сообществ *in silico*. Микробные сообщества являются тесно взаимодействующими системами, включающими в себя гетерогенные элементы, каждый из которых обладает определенным набором свойств, позволяющих успешно функционировать сообществу в определённых условиях. При этом дополнительную сложность в организацию микробных сообществ вносят присутствующие в них вирусы и постоянно идущие эволюционные процессы. Моделирование метаболических и эволюционных процессов, протекающих в микробных сообществах несомненно будет способствовать лучшему их пониманию, что делает эту работу чрезвычайно актуальной.

Александрой Игоревной с соавторами проведены работы по моделированию микробных сообществ в разных режимах. Глава 2. Проведена доработка программного обеспечения Гаплоидный эволюционный конструктор (ГЭК). Полученный в ходе работы вариант был назван ГЭК 3D в него вошел расширенный набор возможностей таких как представление среды в виде набора конечных точечных сред равного объема с идеальным перемешиванием. Глава 3. Моделирование эволюции системы «отравитель-жертва» в пространственно распределенной среде. В этой части были изучены популяционная динамика и динамика частот аллелей в моделях с различными средами и начальным полиморфизмом чувствительности к токсину и эффективности утилизации. Глава 4. Моделирование трендов усложнения и упрощения метаболизма прокариот в пространственно-гетерогенных местообитаниях. В этой главе автор раскрывает вопросы моделирования, следующих важных для представления о микробных сообществах процессов. Горизонтальный перенос, усложнение и упрощение метаболизма, влияние фаговой инфекции и хемотаксиса.

В диссертации представлен большой объем работ по привязке и обоснованию полученных данных моделирования с описанными в литературе биологическими процессами, с приведением необходимых примеров, что несомненно делает интересной эту работу не только для теоретиков, но и для практических биологов.

Сделанные в работе выводы обоснованы и логично вытекают из результатов исследования. Результаты работы представлены в ведущих Российских и зарубежных журналах.

Среди замечаний стоит отметить, что из-за большого объема представленного материала, реферат получился чрезмерно сжатым.

Тем не менее считаю, что диссертационная работа полностью соответствует требованиям ВАК РФ, предъявляемым к кандидатским диссертациям по специальности 03.01.09 – математическая биология, биоинформатика, а автор А.И. Клименко, заслуживает присуждения степени кандидата биологических наук.

Научный сотрудник лаборатории молекулярных биотехнологий
ИЦиГ СО РАН

rozanov@bionet.nsc.ru

+7 (383) 363-49-63*1116

к.б.н.

Розанов Алексей Сергеевич

