

ОТЗЫВ

на автореферат диссертации Медведевой И.В.
«Компьютерный анализ закономерностей кодирования функциональных сайтов белков в генах позвоночных»,
представленной на соискание ученой степени кандидата биологических наук по специальности 03.01.09 -математическая биология, биоинформатика

Диссертация Медведевой И.В. посвящена решению актуальной проблемы - исследованию механизмов, лежащих в основе эволюции структуры и функции белка, затрагивает проблему генетического кода. Исследование закономерностей и анализ структурно-функциональной организации генов с учетом информации о расположении границ экзонов, доменов и функциональных сайтов белков как на уровне аминокислотных последовательностей, так и нуклеотидных последовательностей ДНК невозможны без применения биоинформатических методов. В настоящее время накоплены огромные массивы молекулярно-генетических данных, представленных в базах последовательностей генов, белковых последовательностей, пространственных структур белков (PDB) и их функциональных сайтов (PDBSite, SitesBase). Интеграция этих ресурсов позволяет получить новые знания о структурно-функциональной организации экзонов, доменов, функциональных сайтов, участков с повышенной консервативностью и других генетических кодах, представленных в геномных последовательностях и их роли в эволюции молекулярно-генетических систем живых организмов. Актуальность избранной диссертантом темы не вызывает сомнения, поскольку является одной из важнейших разделов современной биологии, до настоящего времени полностью не изученной.

В ходе исследований автор установила, что функциональные сайты белков преимущественно кодируются более длинными экзонами. Оказалось, что в случае разрывных функциональных сайтов, кодирующие их фрагменты ДНК преимущественно распределяются в пределах одного или нескольких сближенных в последовательности гена экзонов. Впервые выдвинута гипотеза о том, что экзоны, кодирующие только фрагменты функциональных сайтов белков, меньше подвержены перетасовкам по сравнению с другими экзонами.

Среди наиболее важных значений работы следует отметить, создание программно-информационной системы, интегрирующей различные структурные и функциональные данные о белках и кодирующих их генах, включая белковые и геномные последовательности, экзон-интронную структуру, домены и функциональные сайты. Данная система включает в себя базу данных SitEx, содержащую данные о функциональных сайтах белков, нуклеотидных и аминокислотных последовательностях экзонов и соответствующих им фрагментов пространственных структур полипептидной цепи белка, а также программы анализа. Новизной обладают так же представленные в

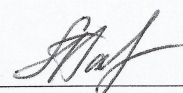
системе возможности поиска по базе данных ДНК последовательностей экзонов с помощью программы BLASTN, а также поиска по базе данных фрагментов белков, кодируемых отдельно взятыми экзонами, с помощью BLASTP и программы 3DPDBScan, осуществляющей структурное выравнивание 3D структур этих фрагментов.

Полученные данные имеют особое значение, так как разработанная компьютерная система SitEx может использоваться для решения широкого круга функциональных и прикладных задач, связанных с анализом соотношения экзон-интронной структуры генов и структурно-функциональной организации кодируемых ими белков. Она позволяет проводить поиск гомологий между белков с учетом информации об экзон-интронной структуре кодирующих их генов.

Принципиальных замечаний по содержанию и оформлению автореферата нет. Изложение материала в автореферате четкое и конкретное, достаточное количество рисунков дают полное представление о проделанной работе и полученных автором результатах. Достоверность и значимость научных данных подтверждена публикациями результатов работы в отечественных и зарубежном рецензируемых научных изданиях.

На основании вышеизложенного можно заключить, что содержание автореферата Медведевой И.В. «Компьютерный анализ закономерностей кодирования функциональных сайтов белков в генах позвоночных» свидетельствует о том, что по актуальности, уровню решения поставленных задач, новизне и значимости результатов, имеет большое фундаментальное и практическое значение.

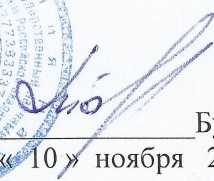
Старший научный сотрудник лаборатории протеомики
ФГБУН ГНЦ РФ –
Института медико-биологических проблем РАН, к.б.н.
Адрес: 123007, Москва, Хорошевское шоссе, д. 76А
Эл.почта:lpastushkova@mail.ru
Телефон рабочий:84991956320
Телефон мобильный:89162672917


Пастушкова Л.Х.
« 10 » ноября 2014 г.

Подпись старшего научного сотрудника ФГБУН ГНЦ РФ – Института медико-биологических проблем РАН, к.б.н.наук, Пастушковой Л.Х. УДОСТОВЕРЯЮ

Ученый секретарь ФГБУ ГНЦ РФ – ИМБП РАН,
д.м.н., профессор, чл.-корр. РАН




Буравкова Л.Б.
« 10 » ноября 2014 г.