

Отзыв к.б.н. Бабенко Владимира Николаевича на автореферат диссертации на соискание ученой степени кандидата биологических наук Дарьи Дмитриевны Новиковой «Поиск новых чувствительных к ауксину регуляторных элементов в промоторах генов *Arabidopsis Thaliana* L» по специальности 03.02.07, 03.01.09 (генетика, математическая биология, биоинформатика)

Диссертация посвящена задаче поиска сайтов связывания транскрипционного фактора ARF в промоторах генов *A. Thaliana*. В качестве данных использовались полногеномные транскриптомы *A. thaliana* с предварительным воздействием Ауксина/контролем. Полученные результаты по предсказанию ТФ были проверены методами РТ-ПЦР, направленного мутагенеза, а также GFP – репортерами, полученными в лаборатории

Замечания: 1) Из автореферата непонятно, как ТФ ARF связан с гормоном ауксина; стоило упомянуть это;

2) В конце главы «Актуальность исследования» есть фраза: «Экспериментальный анализ районов связывания ТФ ARF имеет существенные ограничения – на данный момент удалось исследовать взаимодействие с ДНК лишь С-терминального ДНК-связывающего домена ТФ ARF, а не целого белка». Фраза вводит в недоумение. Как известно, ТФ ARF, как и многие (большинство) другие ТФ, связываются с ДНК только С-концом. N – конец в данном случае образует гомодимер с другим партнером на уровне белка. Имеется ввиду, видимо, исследование связывания гомодимера с ДНК? Или это уже было исследовано с помощью метода парных AuxRE?

Предложенное в качестве продолжения работы исследование N концов, как таковое, имеет малое отношение к задаче, и более относится к задаче белковых конформаций.

3) Из автореферата (раздел «методология и методы диссертационного исследования») абсолютно непонятен принцип предложенного метода ТАА, являющегося центральной частью диссертации. Ясно, что метод предсказывает сайты связывания. Есть ссылка на работу Cherenkov, Novikova, 2018, и фраза «использование в анализе большого количества транскриптомных данных позволяет максимально сократить количество ложно – положительных результатов...», что не является характеристикой принципа, а отражает лишь принцип Закона Больших Чисел. Частично объяснение показано в разделе «положения, выносимые на защиту» - что взяты дифференциально экспрессирующиеся гены из многообразия транскриптомов, и именно их промоторы анализировали в первую очередь. Здесь было бы интересно посмотреть зависимость точности предсказания от числа использованных транскриптомов (или числа ДЭГ)

4) Было бы уместно сказать в разделе «личный вклад», что автор «участвовал и в экспериментальной, и в биоинформатической части работы», если это действительно так.

Несмотря на минорные замечания (и вне зависимости ответов на них), работа содержит ряд ценных результатов и выводов, материалы и методы, а также выводы не вызывают сомнений, таким образом автор заслуживает искомой степени. Работа опубликована в ряде рейтинговых журналов, и удовлетворяет всем требованиям ВАК.

В. Н. Бабенко, к.б.н.

Снс лаборатории молекулярной генетики человека

ИциГ СО РАН, тел. +7-383-363-4963

Email: bob@bionet.nsc.ru

