

ОТЗЫВ

**на автореферат диссертации Сайк Ольги Владимировны
«ВЫЯВЛЕНИЕ АССОЦИАТИВНЫХ СВЯЗЕЙ МЕЖДУ ЗАБОЛЕВАНИЯМИ
И ГЕНЕТИЧЕСКОЙ РЕГУЛЯЦИЕЙ МЕТАБОЛИЧЕСКИХ ПРОЦЕССОВ НА
ОСНОВЕ АВТОМАТИЧЕСКОГО АНАЛИЗА ТЕКСТОВ И БАЗ ДАННЫХ»,
представленной на соискание ученой степени кандидата биологических наук по
специальности
03.01.09 - математическая биология, биоинформатика**

Системный биологический подход представляет собой перспективный метод анализа множественных биомолекулярных компонентов, которые характеризуют живой организм, поскольку позволяет получать новые знания о механизмах развития заболеваний. Связи и взаимодействия между отдельными компонентами системы, включая гены, белки и метаболиты, исследуются на уровне клетки, ткани и органа и, в конечном счете, описывают весь организм или систему. Главной целью анализа этих взаимодействий является идентификация биологических сетей, которые соединяют различные элементы системы, тем самым определяя характеристики, способные описать систему в целом. Затем эту информацию можно использовать для анализа биологических процессов и определения потенциальных мишеней для терапевтического вмешательства.

Уникальность и необходимость использования данного подхода при изучении мультифакторных заболеваний, характеризующихся сложной этиологией и патогенезом, очевидна. Однако, несмотря на то, что ассоциативные генные сети представляют собой эффективное средство для интеграции разнородных данных, анализ особенностей генетической регуляции метаболических процессов в генных сетях остается плохо разработанной областью.

В этой связи диссертационная работа Сайк Ольги Владимировны, целью которой являлись построение и анализ фреймовых моделей, представляющих собой паттерны в ассоциативных генных сетях, описывающих связь заболеваний с генетической регуляцией метаболических процессов, представляется крайне актуальной.

В представленной работе впервые на основе масштабного автоматического анализа была создана база данных Promedia, содержащая фреймовые модели,

описывающие связь генетической регуляции метаболических процессов с заболеваниями, и на основе анализа более 2 млн. фреймовых моделей из базы Promedia показана статистическая значимость транзитивности ассоциаций между участниками фреймовых моделей. Впервые на основе анализа фреймовых моделей предсказаны потенциальные биомаркеры ревматоидного артрита. Комплексный анализ ассоциативных генных сетей позволил впервые предложить гены-кандидаты для генотипирования при коморбидных состояниях астмы/гипертензии.

Выбранные методы полностью соответствует уровню современных исследований в области биоинформатики и статистической генетики и позволяют использовать полученные данные для изучения молекулярных аспектов патогенеза сложнаследуемых заболеваний, оптимизации их диагностики и лечения. Разработанная база данных фреймовых моделей Promedia представляется весьма перспективным инструментом для предсказания потенциальных биомаркеров заболеваний и подбора генов-кандидатов для проведения генетических исследований мультифакторных заболеваний. Результаты исследования представляют большой интерес для специалистов в области генетики многофакторных болезней, биоинформатики, статистической генетики.

Результаты диссертационной работы в автореферате представлены ясно и четко, выводы вытекают из поставленных задач. Автореферат Сайк О.В. оформлен в соответствии с требованиями ВАК РФ и полностью раскрывает содержание выполненной работы. Стиль изложения, таблицы и рисунки способствуют более полному раскрытию сути исследования. Результаты диссертационной работы Сайк О.В. соответствуют сформулированным задачам, а положения, выносимые на защиту, являются их логичным обобщением. Результаты исследования опубликованы в 19 печатных работах (из них 8 статей в рецензируемых журналах ВАК), а также обсуждены на конференциях Российского и международного уровней.

Замечаний к оформлению и содержанию автореферата нет.

Таким образом, диссертационная работа Сайк Ольги Владимировны «ВЫЯВЛЕНИЕ АССОЦИАТИВНЫХ СВЯЗЕЙ МЕЖДУ ЗАБОЛЕВАНИЯМИ И ГЕНЕТИЧЕСКОЙ РЕГУЛЯЦИЕЙ МЕТАБОЛИЧЕСКИХ ПРОЦЕССОВ НА ОСНОВЕ АВТОМАТИЧЕСКОГО АНАЛИЗА ТЕКСТОВ И БАЗ ДАННЫХ»

является законченным трудом, научное и практическое значение которого в области медицинской генетики и биоинформатики не вызывает сомнений. По объему выполненных исследований, научной новизне, теоретической и практической значимости представленная работа полностью соответствует требованиям п.9 «Положения о порядке присуждения ученых степеней», утвержденного Постановлением Правительства РФ №842 от 24.09.2013 г. (с изменениями от 21.04.2016 г. №335), предъявляемым к диссертациям на соискание ученой степени кандидата биологических наук по специальности 03.01.09 - математическая биология, биоинформатика, а сам автор заслуживает присуждения искомой степени.

Доцент кафедры биологии, медицинской генетики и экологии, заведующая лабораторией геномных исследований НИИГМЭ ФГБОУ ВО КГМУ Минздрава России, к.м.н., доцент



О.Ю. Бушуева

9.10.2018

Сведения об авторе отзыва:

Бушуева Ольга Юрьевна, кандидат медицинских наук, доцент кафедры биологии, медицинской генетики и экологии, заведующая лабораторией геномных исследований научно-исследовательского института генетической и молекулярной эпидемиологии Федерального государственного бюджетного образовательного учреждения высшего образования «Курский государственный медицинский университет» Министерства здравоохранения Российской Федерации, 305041, г. Курск, ул. К.Маркса, 3. Тел. +7(4712)588-137. E-mail: olga.bushueva@inbox.ru

