

ОТЗЫВ

на автореферат диссертации Соколова Владимира Сергеевича
«КОМПЬЮТЕРНОЕ ИССЛЕДОВАНИЕ КОНТЕКСТНЫХ ХАРАКТЕРИСТИК
ОТКРЫТЫХ РАМОК СЧИТЫВАНИЯ, СВЯЗАННЫХ С ЭФФЕКТИВНОСТЬЮ
ЭЛОНГАЦИИ ТРАНСЛЯЦИИ, У ОДНОКЛЕТОЧНЫХ ОРГАНИЗМОВ»
представленной на соискание ученой степени кандидата биологических наук по
специальности 03.01.09 – математическая биология, биоинформатика

Работа Соколова В.С. посвящена исследованию различных контекстных характеристик открытых рамок считывания, связанных с эффективностью элонгации трансляции у одноклеточных организмов. В частности, исследуются кодонный состав генов и их насыщенность локальными инвертированными повторами. Данная работа является актуальной в связи с задачей повышения эффективности экспрессии искусственных генетических конструкций в одноклеточных организмах.

Для проведения исследования автором было создано специальное программное обеспечение, реализующее расчет предложенного ранее В.А.Лихошваем и Ю.Г.Матушкиным индекса эффективности элонгации трансляции EEI. Для подтверждения статистической достоверности результатов в работе использован ряд статистических критериев - t-критерий Стьюдента, критерий Манна-Уитни, ϕ -критерий Фишера.

В результате работы проведена классификация геномов 2771 одноклеточного организма по важности различных контекстных характеристик генов для эффективности их трансляции. Исследование геномов организмов, принадлежащих к роду *Mycoplasma*, позволило выявить более высокую стабильность потенциальных шпилек в районе старт-кодона трансляции у *M. haemofelis*, что, как показано в работе, является нехарактерным для других видов микоплазм. При этом в диссертации показано, что у других исследованных видов *Mycoplasma* (*C. M. haemolamae*, *M. haemocanis*, *M. wenyonii*, *M. haemofelis*, *M. pneumonia*, *C. M. haemominutum*, *M. suis*) количество инвертированных повторов (потенциальных шпилек) меньше ожидаемого. Данный результат является интересным для дальнейшего более детального изучения. Также заслуживает внимания обнаруженная связь между сменой условий среды обитания у архей и изменениями в первичной структуре их генов, влияющими на эффективность трансляции.

Достоинством представленной работы является наличие программы EloE, обеспечивающей расчет индекса элонгации. В автореферате упоминается только

возможность работы с программой через веб-интерфейс. В то же время из контекста работы (анализ более 2000 геномов) ясно, что есть и другие способы работы с программой. Желательно хотя бы кратко осветить и эти возможности.

Автореферат хорошо отражает методы и результаты решения основных задач диссертации. Интерпретация результатов адекватна. Результаты диссертации опубликованы как в российских, так и в международных научных изданиях.

Считаю, что диссертационная работа вполне отвечает требованиям, предъявляемым к кандидатским диссертациям, а соискатель, несомненно, заслуживает присвоения ему ученой степени кандидата биологических наук по специальности 03.01.09.

Зав. лабораторией прикладной математики
Института математических проблем биологии ФАНО,
д.ф.-м.н.

MF М.А.Ройтберг
20.11.2015

Подпись Ройтберга М.А. заверяю:

Нач-к



OK Ошаруц / Галушко Т.А. /