

ОТЗЫВ

на автореферат диссертации Вибе Даниила Станиславовича

“Выявление взаимосвязи между величинами изменения экспрессии и функциями дифференциально экспрессирующихся генов на основе компьютерного анализа транскриптомов арабидопсиса и человека”, представленной на соискание ученой степени кандидата биологических наук по специальности 1.5.8. - “математическая биология, биоинформатика”

Работа Вибе Даниила Станиславовича посвящена разработке нового метода группового анализа обогащения генов в транскриптомных данных. Актуальность работы обуславливается тем, что технологии транскриптомных экспериментов применяются в самых различных областях биологии и медицины, и на самых разных объектах, объем доступных данных растет лавинообразно, но наблюдается недостаток методов для их обработки, которые бы использовали всю полноту информации об исследуемом объекте, предоставляемую экспериментальными данными. Существующие на данный момент методы игнорируют ценную информацию, источником которой является важная составляющая транскриптомных данных — количественная оценка экспрессии генов. Стандартные подходы для функционального анализа транскриптомных данных используют информацию об экспрессии генов, как правило, только для установления факта отклика на экспериментальные условия, а оценка силы данного отклика остается за рамками анализа. Предлагаемый соискателем метод (FSEA) решает данную задачу путем разбиения набора дифференциально-экспрессирующихся генов на группы, схожие по активности генов в ответ на условия эксперимента, с дальнейшим анализом обогащения данных групп терминами геной онтологии.

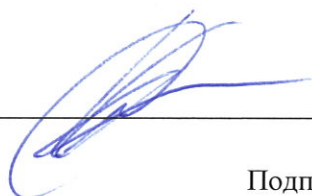
В рамках диссертационной работы была проведена всесторонняя апробация разработанного метода и получены интересные с биологической точки зрения результаты. Например, было обнаружено, что функционально связанные группы генов показывают ассоциацию с сильным и слабым изменением активности, и намного реже наблюдается ассоциация с промежуточными значениями. Кроме того, анализ с помощью предложенного метода транскриптомов клеточных линий рака предстательной железы человека выявил фолд-специфичные категории GO, связанные с процессом онкогенеза, которые не могут выявить методы GSEA и SEA. Также стоит

отметить доступность разработанного подхода. Метод FSEA реализован в виде пакета программ FoldGO на языке R и размещен в открытом доступе в репозитории Bioconductor и в виде вебсервиса (<https://webfsgor.sysbio.cytogen.ru/>).

Основные результаты работы опубликованы в трех статьях в журналах из списка ВАК. Работа Вибе Даниила Станиславовича представляет собой полноценное и законченное исследование, и соответствует требованиям ВАК, предъявляемым к кандидатской диссертации. Автор заслуживает присуждения ему ученой степени кандидата биологических наук по специальности 1.5.8. - “математическая биология, биоинформатика”.

25.10.2021 г.

Дата



Подпись

Старший научный сотрудник
Теоретического отдела
ФБУН ГНЦ ВБ «Вектор»
кандидат биологических наук

Антонец Д.В.

Почтовый адрес: 630559, Новосибирская область, р.п. Кольцово, ФБУН ГНЦ ВБ «Вектор» Роспотребнадзора

