

## 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”

На данный момент транскриптомные эксперименты являются самым массовым методом для изучения динамики экспрессии генов в ответ на экспериментальные условия. Ввиду большого объема данных, полученных из транскриптомных экспериментов, и сложной структуры биологических систем, порождающих их, возникает необходимость в разработке специальных методов обработки и анализа. Однако существующие подходы не используют в полной мере информацию, которую можно извлечь из транскриптомных данных, как например информацию о силе изменения экспрессии, которая в основном используется для выявления дифференциально-экспрессирующихся генов, а на последующих этапах анализа игнорируется. В рамках работы был разработан новый метод анализа функционального обогащения, который авторы назвали FSEA или анализ фолд-специфичного обогащения. Данный метод позволяет отранжировать категории Генной Онтологии по силе транскрипционного ответа. Применение метода FSEA на данных множества различных транскриптомных экспериментов показало существование большого количества ГО категорий, для которых характерна скоординированная экспрессия вовлеченных генов.

Разработанный в рамках данной работы метод FSEA позволяет отранжировать происходящие в исследуемых образцах процессы по степени изменения экспрессии, например, на слабые, средние и сильные изменения. В качестве примера приводится категория ГО “ответ на ауксин”, которая, по словам авторов, изучалась исследователями по всему миру как единственно важная, но при помощи метода FSEA было показано что она является частным случаем транскрипционного ответа с сильной степенью изменения экспрессии генов. Также авторы отмечают возможность приоритизации генов, ассоциированных с определенной степенью изменения

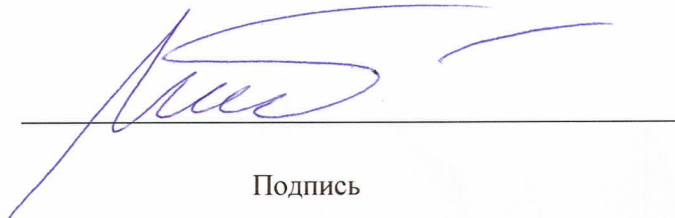
экспрессии при поиске кандидатных генов для исследования причин масштабных изменений на молекулярно-генетическом уровне.

В качестве комментария, в тексте автореферата хотелось бы видеть пояснение, каким образом определяется количество интервалов, на которое разбивается исходный список генов, и как их количество влияет на результат.

Основные результаты работы представлены в трех статьях опубликованных в журналах из списка ВАК. Работа Вибе Даниила Станиславовича представляет собой 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".

22.10.21.

Дата



Подпись

Старший научный сотрудник,

Заведующий лабораторией рекомбинационного и сегрегационного анализа,

ФИЦ ИЦиГ СО РАН

кандидат биологических наук

Цепилов Я.А.

**Почтовый адрес:**

Цепилов Яков Александрович,  
пр. акад. Лаврентьева, 10, Институт цитологии и генетики СО РАН  
г. Новосибирск  
630090

