

ОТЗЫВ

на автореферат кандидатской диссертации Цуканова Антона Витальевича
**«Мультимодельный подход к эффективному картированию сайтов
связывания транскрипционных факторов по данным ChIP-seq
экспериментов»**

Диссертационная работа А. В. Цуканова посвящена выяснению и сравнению потенциалов разных методов распознавания/картирования сайтов связывания транскрипционных факторов в геномных участках, выявленных в результате ChIP-seq-экспериментов. Для выполнения поставленных задач автором был создан программный комплекс, обеспечивший в едином стиле функционирование несколько моделей распознавания, а также проводить сравнение результатов распознавания, рассчитывать и подбирать параметры точности распознавания.

При этом программный комплекс, по-видимому, является достаточно универсальным, т.к. его работа продемонстрирована на примере большого числа данных ChIP-seq-экспериментов для таких разных представителей эукариот, как животное домовая мышь и растение резуховидка Таля. Достоинством работы, на мой взгляд, является стремление автора к получению не только технологических биоинформационных результатов, но и биологически значимых результатов. Это проявилось, например, в интересной попытке с помощью терминов геной онтологии выявить связь между результатами распознавания сайтов связывания, полученными разными методами и с разной степенью консервативности мотивов, и функциями генов, в промоторах которых распознаны те или иные мотивы.

В автореферате ясно изложены актуальность и важность поставленных задач, полно представлены полученные диссертантом результаты и сделаны адекватные выводы. Однако к общему плану текста автореферата возник вопрос: почему автор, несмотря на наличие первой задачи «Создать программный комплекс ...» и многочисленные заверения в Заключение и Выводах, что «Был разработан программный комплекс MultiDeNa ...», «...впервые разработан программный комплекс MultiDeNa ...», так мало уделил места для описание самого этого комплекса в разделе Результаты и не указал ссылки доступа к такому полезному

биоинформационному инструменту? Также в тексте автореферата встречаются, к сожалению, пунктуационные ошибки и жаргонизмы, например, на стр.1: «...данные ... дают .. информацию о том, где мог находиться ССТФ в виде пиков ...» или «...найти точную форму мотива в наборе пиков...». При этом в тексте отсутствует определение, что такое эти «пики», и термин «пики ChIP-seq-экспериментов» появляется только в Выводах. Однако эти замечания никак не умаляют достоинство и высокое качество выполненной и представленной работы.

Таким образом, диссертационная работа А. В. Цуканова представляет собой законченную научно-исследовательскую работу, полностью соответствует требованиям пп. 9-14 ВАК РФ, а Цуканов Антон Витальевич заслуживает присуждения научной степени кандидата биологических наук по специальности 1.5.8 - математическая биология, биоинформатика.

18.02.2024

С.н.с. отдела генетики насекомых ИЦиГ СО РАН

к. б. н.

Алексей Вадимович Катохин

Контактная информация

Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Федеральный исследовательский центр Институт цитологии и генетики Сибирского отделения Российской академии наук» (ИЦиГ СО РАН)

пр-т академика Лаврентьева, д. 10 , Новосибирск-90, 630090

e-mail: katokhin@bionet.nsc.ru, (383)3634901*3520,

Подпись Катохина А.В. заверяю:
ученый секретарь ИЦиГ СО РАН

к.б.н.



Г. В. Орлова