

**Отзыв научного руководителя на младшего научного сотрудника
сектора биоинформатики и информационных технологий в генетике
ФИЦ ИЦиГ СО РАН Цуканова Антона Витальевича**

Цуканов Антон Витальевич работает под моим руководством в течение пяти лет с начала второго года обучения в аспирантуре ИЦиГ в сентябре 2018 года по настоящее время. Тема работы – «Мультимодельный подход к эффективному картированию сайтов связывания транскрипционных факторов по данным ChIP-seq экспериментов». Работа исследует совместное применение традиционной модели мотива (Позиционной Весовой Матрицы, ПВМ) и альтернативных моделей мотивов для сайтов связывания транскрипционных факторов (ССТФ) в полногеномном анализе. Главным отличием альтернативных моделей мотива от модели ПВМ является рассмотрение зависимостей разных позиций мотива, которыми модель ПВМ пренебрегает. Модель ПВМ возникла около 40 лет назад как упрощённая модель взаимодействий ДНК и транскрипционных факторов (ТФ), но нельзя утверждать, что ПВМ объясняет наблюдаемую аффинность для всех природных ССТФ. Как до, так и после начала эпохи массового секвенирования ССТФ, подразумевающей применение технологии иммунопреципитации хроматина (ChIP-seq), почти все инструменты полногеномного картирования ССТФ использовали модель ПВМ.

Главный вопрос работы Цуканова А.В. состоит в определении вкладов модели ПВМ и альтернативных моделей мотива в общее разнообразие наблюдаемых в природе взаимодействий ТФ с ДНК *in vivo*. Применённая в ходе выполнения работы классификация ТФ по структуре ДНК-связывающего домена позволила прийти к фундаментальным выводам о содержании геномного кода регуляторных районов генов эукариот. Этот код для каждого регулятора (ТФ), определяется как сочетание традиционной и альтернативных моделей мотива ССТФ.

За время работы А.В. Цуканов освоил большое число средств полногеномного анализа, проявил свои способности как перспективного научного сотрудника, способного достаточно точно понять суть рассматриваемых научных проблем, сформулировать алгоритм действий для их решения, и впоследствии проводить кропотливую работу по конвейерной обработке больших объёмов данных массового секвенирования ССТФ. В процессе решения совершенно новых биоинформатических задач А.В. Цуканов постепенно выработал в себе способность самостоятельно выдвигать и доказывать гипотезы о фундаментальных механизмах молекулярно-биологических взаимодействий ДНК и ТФ.

Цуканов А.В. активно участвовал в выполнении работ по Бюджетному проекту ИЦиГ, грантам РФФИ и РНФ. Цуканов А.В. является соавтором четырех статей, индексированных в списках Web of Science и Scopus, им получено три свидетельства о государственной регистрации программ для ЭВМ.

В целом, Цуканов А.В. показал себя дисциплинированным, ответственным и инициативным сотрудником. Уровень работ, проведённых Цукановым А.В., а также показанный им уровень научной квалификации соответствуют требованиям, выдвигаемым к соискателям научной степени кандидата биологических наук по специальности 1.5.8. — математическая биология, биоинформатика.

Научный руководитель, к.б.н. Девизкий Виктор Георгиевич,
с.н.с. лаборатории эволюционной биоинформатики и
теоретической генетики ИЦиГ СО РАН



В.Г. Девизкий

В.Г. Девизкий