

ОТЗЫВ

на автореферат диссертации Лашина Сергея Александровича «Многоуровневые компьютерные модели эволюционных процессов», представленной на соискание степени доктора биологических наук по специальности 1.5.8 – «Математическая биология, биоинформатика»

Работа С. А. Лашина посвящена актуальной теме – разработке комплекса программ для моделирования эволюционных процессов в группах взаимодействующих организмов с гаплоидными и диплоидными геномами и исследованию с помощью этого комплекса программ различных сценариев формирования генетического и геномного разнообразия в популяциях со сложной структурой взаимодействия и сообществах с различными типами взаимодействия между видами (конкуренция, паразит – хозяин и т.п.). В настоящее время в связи с бурным развитием различных биологических дисциплин накапливается большой объём фактических знаний о видовом разнообразии организмов в различных сообществах, информация о межорганизменных взаимодействиях, данные о разнообразии геномов, информация о функционировании организмов на клеточном и системном уровнях. Анализируя эти данные можно предложить большое количество гипотез – предположений о том, как формировались различные сложные естественные и искусственные биологические системы. Все эти гипотезы и предположения нуждаются в проверке и верификации. Такую верификацию гипотез можно провести с помощью математических и компьютерных моделей. Модель в этом случае представляет собой запрограммированный сценарий (гипотезу) формирования - развития разнообразия в изучаемой биосистеме. Если получаемый в ходе расчётов финальный портрет характеристик моделируемой биосистемы совпадёт с ее экспериментальными (наблюдаемыми характеристиками), то мы можем сделать вывод правильности предложенной гипотезы функционирования развития и эволюции, соответствующей естественной или искусственной биологической системы. Работа С. А. Лашина как раз посвящена разработке программных инструментов для построения сложных моделей эволюции биосистем, позволяющих тестировать и проверять различные гипотетические предположения о механизмах их формирования, развития и исследованию на основе разработанных инструментов различных эволюционных процессов, проходящих на уровне клеток, видов, популяций и биологических сообществ. Представленные в работе подходы и инструменты для построения эволюционных моделей могут быть использованы различными коллективами исследователей для решения всевозможных проблем системной эволюционной биологии.

В ходе выполнения исследования С. А. Лашина совместно с соавторами были разработаны два программных инструмента: «Гаплоидный Эволюционный Конструктор» (ГЭК), позволяющий моделировать процессы эволюции в сообществах различных видов прокариот и «Диплоидный Эволюционный Конструктор» (ДЭК), предназначенный для моделирования эволюционных процессов в популяциях эукариотических организмов. Оба разработанных инструмента опираются в своей основе на принцип индивидуально ориентированного (агентного) моделирования. На основе разработанных инструментов были исследованы несколько актуальных эволюционных процессов: процесс эволюции генных сетей с регуляторными контурами, организованными по принципу обратной связи; процесс эволюции пространственно-распределённых микробных сообществ, состоящих из нескольких взаимодействующих видов; эволюции системы бактерий и их паразитов бактериофагов; процесс распространения генетической глухоты в популяциях человека; процессы миграций в популяциях древних людей.

Материал исследования в автореферате изложен последовательно, логично и аргументированно, полученные результаты наглядно иллюстрированы, что позволяет упростить восприятие текста. Вместе с тем к материалу, изложенному в автореферате, можно высказать ряд замечаний:

- В тексте автореферата имеются ряд аббревиатур, расшифровка которых не приведена. Например, аббревиатура МРІ. Что скрывается за этой аббревиатурой понятно только специалистам в области информационных технологий, и не понятно широкому кругу читателей.
- На тепловой карте рисунка 6 не хватает подписей по осям и расшифровки легенды шкалы градаций цвета, что затрудняет интерпретацию результата.

Тем не менее, актуальность, научная новизна и практическая значимость работы С. А. Лашина несомненны. Результаты диссертации, описанные в автореферате, выполнены на современном уровне и представляют собой законченное научное исследование. Автореферат диссертации составлен с соблюдением установленных требований, дает адекватное представление о работе. Основные положения проведенных исследований нашли отражение в 106 научных работ (включая тезисы), в том числе 27 статей в журналах индексируемых в международных базах цитирования WOS и Scopus, 4 главы в монографиях, 5 авторских свидетельств.

Таким образом, представленная работа соответствует уровню докторской диссертации, а ее автор заслуживает присуждения степени доктора биологических наук по специальности 1.5.8 – «Математическая биология, биоинформатика».

Отзыв составил
старший научный сотрудник
лаборатории геносистематики
ФГБУН Лимнологического института СО РАН
кандидат биологических наук (1.5.8 – «Математическая биология, биоинформатика»)
Букин Юрий Сергеевич 24.09.2024г. Ю.С. Букина

Почтовый адрес: 664033 г. Иркутск, ул Улан Баторская - 3, а/я 278.
e-mail: bukinyura@mail.ru

Даю согласие на размещение моих персональных данных на официальном сайте ИЦиГ СО РАН и федеральной информационной системе государственной научной аттестации, включение их в аттестационное дело соискателя и дальнейшую обработку. Ю.С. Букина

Подпись к.б.н., с.н.с. лаб. геносистематики
Ю.С. Букина заверяю
ученый секретарь ФГБУН
Лимнологического института СО РАН
к.б.н. Н.В Максимова

