

ОТЗЫВ

на автореферат Иванова Романа Артемовича
«ФИЛОСТРАТИГРАФИЧЕСКИЙ И ФИЛОТРАНСКРИПТОМНЫЙ АНАЛИЗ ГЕНОВ,
СВЯЗАННЫХ С РАЗВИТИЕМ ОНКОЛОГИЧЕСКИХ ЗАБОЛЕВАНИЙ»,
представленной на соискание ученой степени кандидата биологических наук по
специальности 1.5.8. Математическая биология, биоинформатика

Автореферат диссертационной работы Иванова Романа Артемовича посвящен применению филостратиграфии и филотранскриптомного анализа к исследованию генов и молекулярных программ, вовлеченных в развитие злокачественных новообразований человека. Актуальность заявленной тематики определяется сохраняющейся высокой медико-социальной значимостью онкологических заболеваний и необходимостью расширять интерпретацию механизмов онкогенеза за счет эволюционного измерения. В автореферате обосновано, что учет происхождения генов, степени их консервативности и особенностей их экспрессии способен дополнять традиционные молекулярно-биологические подходы и позволять по-новому рассматривать перестройку регуляторных и сигнальных контуров в опухолевой ткани. Существенным аспектом является ориентация исследования на анализ динамики показателей в привязке к клиническим стадиям, поскольку стадийность отражает прогрессирование опухолевого процесса и вносит важный контекст в интерпретацию транскриптомных сдвигов. Отдельно следует подчеркнуть актуальность разработки специализированных вычислительных конвейеров и программных средств, на которые опирается представленное исследование. Анализ больших массивов транскриптомных данных, их сопоставление между стадиями, расчет дифференциальной экспрессии и последующее получение эволюционных индексов требуют стандартизованного и воспроизводимого конвейера, иначе сравнение результатов между выборками становится затруднительным. В этой связи важным является создание и применение описанных в автореферате решений, включая конвейер `snpcEv` для обработки данных TCGA по стадиям и программный комплекс Orthoweb 2 для расчета показателей PAI, DI, TAI, TDI и для интеграции таких оценок с анализом генных сетей и путей. Наличие подобных инструментов повышает воспроизводимость результатов, снижает барьер входа для исследователей и делает возможным применения предложенного подхода в задачах эволюционной транскриптомики опухолей и сопоставимых исследований на публичных данных.

Научная новизна работы, согласно представленному автореферату, состоит в том, что выполнен систематический филотранскриптомный анализ эволюционных характеристик транскриптома опухолей на разных клинических стадиях с использованием

индексов возраста и дивергенции, а также подходов к статистической проверке характерных профилей изменения этих индексов. Показано, что стадийная динамика филотранскриптомных показателей может быть выявлена и количественно описана на больших массивах данных, полученных из публичных онкогеномных ресурсов, и что такие оценки позволяют выделять типовые закономерности, интерпретируемые в эволюционных терминах. Дополнительный элемент новизны связан с тем, что в рамках исследования разработаны и применены программные решения, обеспечивающие расчет индексов, интеграцию данных экспрессии и эволюционных оценок, а также работу с генными сетями и путями, что повышает воспроизводимость и переносимость предложенного подхода.

Теоретическая значимость исследования заключается в развитии представлений об эволюционной обусловленности молекулярных перестроек при онкологическом процессе на основе сопоставления происхождения генов и степени их дивергенции с изменениями экспрессии в ходе прогрессирования опухолей. Материалы автореферата показывают, что введение филотранскриптомных индексов в анализ стадийной динамики дает возможность формулировать и проверять обобщающие модели изменения транскриптома, а также уточнять роль различных функциональных модулей и сигнальных путей с позиции их эволюционного статуса. Практическая значимость обусловлена созданием и использованием прикладных инструментов, ориентированных на автоматизацию обработки данных, расчет эволюционных индексов и их интерпретацию, а также на удобную визуализацию и анализ генных сетей и путей. Представленные разработки могут быть востребованы при проведении биоинформатических исследований в области эволюционной транскриптомики опухолей, при сравнительном анализе онкологических выборок по стадиям и при подготовке проверяемых гипотез о стадий-специфических изменениях регуляторных программ. Автореферат, имеет четкую структуру и понятное, последовательное изложение материала и в полной мере отражает положения, выносимые на защиту подтвержденные публикациями в высокорейтинговых рецензируемых изданиях, включая журнал первого квартала. Однако, имеется ряд замечаний к автореферату:

1. Из текста автореферата не до конца ясно, какие конкретно были использованы данные из базы данных TCGA: уже нормализованные или ненормализованные? Также не совсем понятен процесс фильтрации на первичные опухоли и нормальные ткани – он производился на основании метаинформации или же это была алгоритмическая фильтрация полученных данных?
2. В тексте указано что было обработано “5058 образцов”, но нет разбивки по типам опухолей и по стадиям I–IV. Без этого трудно оценить статистическую мощность сравнения стадий.

3. Ключевым нововведением было стала реализация двух методов оценки индексов возраста генов (на основании KEGG Orthology и Best Similarity Table), но не показано, насколько результаты согласуются между методами, и какой метод использован для получения результатов описанных в выводах работы.
4. Также в тексте подробно описан конвейера sancEv, однако ссылок на его программный код не приводится. Аналогично и для примененного программного комплекса Orthoweb 2, приведены рисунки его интерфейса, а также авторское свидетельство, ссылок на него в сети интернет или на исходный код в тексте также не приведено.

Отмеченные замечания нисколько не снижают качества исследования и не влияют на главные теоретические и практические результаты диссертации, описанные выше. Результаты оригинальны, обладают научной новизной и практической значимостью.


Диссертационная работа Иванова Романа Артемовича «Филостратиграфический и филотранскриптомный анализ генов, связанных с развитием онкологических заболеваний» является целостной и полностью отвечает требованиям предъявляемым ВАК к диссертациям на соискание ученой степени кандидата наук, а ее автор, Иванов Роман Артемович заслуживает присуждения ученой степени кандидата биологических наук по специальности 1.5.8. Математическая биология, биоинформатика.

к.б.н., доцент направления
«Вычислительная биология», научного
центра генетики и наук о жизни НТУ
«Сириус»

Дата: 27.02.2026

Подпись заверяю:

Куляшов
Михаил Андреевич



РУКОВОДИТЕЛЬ ГРУППЫ
ПО РАБОТЕ С ННР
АНОО ВО «УНИВЕРСИТЕТ
«СИРИУС»

27.02.2026

Косуля И.С.



Сведения:

Автономная некоммерческая образовательная организация высшего образования
«Научно-технологический университет «Сириус»

Адрес организации: 354349, Российская Федерация, Краснодарский край, федеральная
территория «Сириус», Олимпийский проспект, д.1

Телефон: +79231009972

e-mail: kulyashov.ma@talantiuspeh.ru