

ОТЗЫВ

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

Различные онкологические заболевания являются одной из основных причин смертности и ухудшения качества жизни людей. В развитии злокачественных новообразований ключевую роль играют сбои в работе различных цепочек генов, регулирующих процессы деления и дифференцировки клеток. Для многих онкозаболеваний исследователями были выявлены ключевые гены, поломки в которых увеличивают риск развития патологий. Интерес представляют вопросы связанные с происхождением и эволюцией таких генов и ассоциированных с ними метаболических путей. Понимание эволюционных механизмов, приводящих к появлению генетических систем, сбои в работе которых вызывают развитие злокачественных онкозаболеваний, может быть толчком к разработке новых способов лечения данных патологий.

Работа Р. А. Иванова посвящена актуальной теме – изучению эволюционных механизмов и истории появления генов и метаболических циклов, дефекты в которых приводят к появлению злокачественных опухолей. В работе применялся подход сравнительного анализа геномных данных, основанный на филостратиграфическом подходе. В задачи работы входило: разработка программного конвейера для анализа генных сетей, активных в опухолевых клетках с использованием филостратиграфического подхода; расчеты и сравнительный анализ различных эволюционных филостратиграфических индексов; анализ генных сетей онкологических заболеваний из различных баз данных.

В процессе выполнения работы Р. А. Иванов разработал программные комплексы *Orthoweb 2* и *cancEv* для анализа генных сетей и транскриптомных данных. С использованием разработанных программных комплексов были определены спектры генов со сниженной или повышенной активностью при развитии карцином лёгкого, печени, мочевого пузыря, простаты и молочной железы. Определены спектры относительных эволюционных возрастов генов, вовлеченных в патологические процессы на разных стадиях развития опухолей.

Р. А. Иванов применил в своей работе широкий спектр методов, включающих инструменты разработки программных средств на языках программирования Python, Java и R. Для автоматизации обработки данных использовался инструмент bash-скриптов. Использовались методы сравнительного анализа нуклеотидных и аминокислотных последовательностей генов. Наборы методов автоматизации обработки информации из различных баз данных.

Материал в автореферате изложен последовательно, логично и аргументировано. Иллюстративный материал позволяет сделать представление о структуре и результатах биоинформационного и эволюционного анализа.

Вместе с тем к материалам автореферата Р. А. Иванова можно высказать ряд замечаний и вопросов:

- 1) В тексте на рисунке 2, тепловой карты уровней экспрессии генов в легенде цветовой шкалы встречается обозначение \log_2FC , при этом данное обозначение встречается в тексте в виде $\log FC$ в описании методов на странице 8. При этом нигде не дается расшифровки того, что означает сама по себе величина FC.
- 2) На рисунке 4 в подрисуночной подписи сказано, что столбцы показывают «частоту встречаемости филостратиграфических индексов». В математической статистике частота встречаемости — это количество раз, когда определённое значение или событие встречается в наборе данных. При этом на оси у мы видим шкалу дробных значений с диапазонами меньше 1. Хотя по описанию мы должны видеть целые значения больше, чем

1. Вероятно, автор имел в виду долю от общего количества значений, а не частоту встречаемости полученных величин.

Тем не менее, актуальность, научная новизна и практическая значимость работы Р. А. Иванова несомненны. Результаты диссертации, описанные в автореферате, основаны на современном научном 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 3 публикациях в рецензируемых научных журналах, индексируемых базами данных WoS и Scopus. Результаты работы докладывались на Российских и международных конференциях. По итогам работы зарегистрировано одно авторское свидетельство.

Таким образом, полученные результаты соответствуют уровню кандидатской диссертации, а ее автор заслуживает присуждения степени кандидата биологических наук по рассматриваемой специальности.

Отзыв составил

старший научный сотрудник

лаборатории геносистематики

ФГБУН Лимнологического института СО РАН

кандидат биологических наук (1.5.8 – «Математическая биология, биоинформатика»)

Букин Юрий Сергеевич

Почтовый адрес: 664033 г. Иркутск, ул Улан Баторская - 3, а/я 278.

e-mail: bukinyura@mail.ru

тел: 83952422923

интернет-сайт: <http://lin.irk.ru/>

Я, Букин Юрий Сергеевич автор отзыва, согласен на включение в аттестационное дело и дальнейшую обработку моих персональных данных, необходимых для процедуры защиты диссертации Р. А. Иванова, исходя из нормативных документов Правительства РФ, Минобрнауки РФ и ВАК при Минобрнауки РФ, в том числе на размещение их в сети Интернет на сайте ИЦИГ СО РАН, на сайте ВАК, в единой информационной системе.

19.02.2026г 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

