

ОТЗЫВ НА АВТОРЕФЕРАТ  
Солдатов Р.А. Андреевича  
«Методы предсказания структурных элементов РНК»  
на соискание ученой степени кандидата физико-математических наук по специальности  
03.01.09 – «математическая биология, биоинформатика»

Изучение вторичных структур РНК является одной из фундаментальных задач современной молекулярной биологии. Создание новых методов предсказания вторичной структуры представляется крайне актуальным, т.к. в настоящее время не существует алгоритмов, способных предсказывать вторичную структуру РНК в полногеномном масштабе за разумное время и с хорошим качеством. Работа Солдатов Р.А. посвящена решению этой проблемы. В ней представлен новый метод предсказания вторичной структуры РНК, и разработана программа на его основе. Показано, что созданная программа работает не медленнее существующих аналогов, предсказывая существенно больше вторичных структур при одном и том же уровне ложных предсказаний. Кроме того, в работе применяется сравнительно геномный подход, который позволяет улучшить надежность предсказания вторичных структур РНК.

Автореферат написан понятным языком и легко читается. В нем содержится вся необходимая информация об актуальности работы, ее целях и задачах, научной новизне и практической значимости. Основные результаты работы представлены на 8 рисунках и в 3 таблицах. Содержание работы разбито на несколько разделов. В первом разделе приводится описание алгоритма предсказания локально-оптимальных структурированных сегментов РНК и созданной на его основе программы RNASurface. Во втором разделе представлен новый метод вычисления Z-значений. Показано, что он работает быстро и достаточно точно. В третьем разделе обсуждается качество предсказания и эффективность работы программы RNASurface. В четвертом разделе приводится анализ распределения структурированных сегментов по регионам. Показана большая перепредставленность вторичных структур в 5'НТО и 3'НТО генов. В пятом разделе обсуждается применение сравнительно-геномного подхода к предсказанию структурных элементов РНК. В шестом разделе приводится описание диффузионной модели Z-значений. В седьмом разделе показано (на филогенетическом дереве мух), что применение диффузионной модели улучшает надежность предсказания некодирующих РНК.

В тексте содержится достаточно большое количество ошибок и опечаток, которые, однако, не затрудняют понимание изложенного материала. Кроме того, есть несколько замечаний:

1. В подписи к рисунку 1Б отсутствует описание верхней панели рисунка.
2. В тексте упоминается программа RNASlider, однако ни ссылки, ни описания этой программы нет.
3. На стр.15 вместо ссылки на рисунок 6 написано «Ошибка! Источник ссылки не найден.»
4. Из текста не до конца понятно, что понимается под фоновым распределением свободных энергий. Нуклеотидные последовательности перемешивались с сохранением динуклеотидного состава? Или случайным образом из генома выбирались последовательности с похожим динуклеотидным составом?

Данные замечания нисколько не влияют на общий высокий уровень работы Р.А. Солдатова. Работа производит хорошее впечатление и полностью соответствует требованиям, предъявляемым к диссертации на соискание ученой степени кандидата физико-математических наук по специальности 03.01.09 – «математическая биология, биоинформатика». Результаты работы опубликованы в 2 статьях в российских и международных журналах, и доложены на российских и международных конференциях.

Р.А. Солдатов безусловно заслуживает присуждения степени кандидата физико-математических наук.

26 ноября 2015 г.

Научный сотрудник,  
Сколковский институт науки и технологий,  
кандидат биологических наук



/Храмеева Е.Е./

143026, Москва, Территория Инновационного Центра “Сколково”, улица Нобеля, д. 3

Телефон: +7 (495) 280 14 81 доб. 3413

Электронная почта: e.khrameeva@skoltech.ru

*Подпись Храмеевой Е.Е. удовлетворю.  
Менеджер по административным и кадровым  
вопросам Коновалова Л.Б. [подпись]*