

Экспертиза диссертации

Автор: Виноградова Светлана Владимировна

Название: Предсказание структурных элементов РНК с использованием экспериментальных данных

Объект исследования: Анализ и предсказание структурных элементов РНК с использованием экспериментальных данных. Задачи, связанные с предсказанием структурных элементов РНК: 1) Анализ свойств и качества экспериментальных данных для последующего использования в качестве дополнительного источника информации при поиске структурированных РНК. 2) Разработка алгоритма, позволяющего учитывать экспериментальные данные при поиске структурированных РНК, и оценка эффективности данного алгоритма на примере транскриптома человека.

Методы исследования: Исследование статистических свойств экспериментальных данных по определению вторичной структуры РНК. Разработка расширенной энергетической модели алгоритма по предсказанию структурных элементов РНК и фоновой модели алгоритма. Статистический анализ расположения структурированных участков генома по отношению к известным структурированным РНК транскриптома человека.

Обзор литературы: Обзор литературы достаточно полный и содержит 107 ссылок на литературные источники, как классические работы, так и современные. Обзор покрывает все основные моменты связанные с темой работы.

Основные результаты:

- 1) Разработана методика анализа и преобразования экспериментальных данных, касающихся принадлежности отдельных нуклеотидов к вторичной структуре РНК. Методика основана на сопоставлении каждому нуклеотиду количественной характеристики, отражающей его склонность быть включенным во вторичную структуру.
- 2) Проведено сравнение данных эксперимента ДМС *in vivo* и *in vitro*. Показано, что кодирующие области мРНК являются менее структурированными в клетке по сравнению с состоянием *in vitro*.
- 3) Алгоритм RNASurface расширен на случай использования в оценке степени структурированности фрагмента экспериментальных данных. Построена фоновая модель для оценки структурированности РНК, учитывающая как энергетические параметры, так и экспериментальные данные.
- 4) Разработан и запущен веб-сервис RNASurface (<http://bioinf.fbb.msu.ru/RNASurface/>), позволяющий визуализировать результаты работы алгоритма по предсказанию структурированных элементов РНК с использованием экспериментальных данных.
- 5) На основании данных эксперимента PARS проведен анализ структурированности РНК элементов в масштабах транскриптома человека, показавший, что использование экспериментальных данных при поиске структурированных элементов РНК позволяет улучшить качество предсказания.

Публикации результатов:

Результаты опубликованы в двух статьях в отечественном и международном рецензируемых журналах. Результаты работы были представлены на международных конференциях Интеллектуальные системы молекулярной биологии (Intelligent Systems for Molecular Biology – ISMB'14), Европейская конференция по вычислительной биологии (European Conference on Computational Biology – ECCB'14), Седьмая Московская конференция по вычислительной молекулярной биологии (Moscow Conference on Computational Molecular Biology – MCCMB'15), Симпозиум Европейской Организации Молекулярной Биологии и Европейского Института Биоинформатики (EMBO/EMBL Symposium'15), а также на конференциях Информационные Технологии и Системы (ИТИС'14, ИТИС'15).

Заключение: Исследование выполнено на высоком научном уровне, самостоятельно, достаточно полно опубликовано. Тема исследования полностью соответствует специальности «математическая биология, биоинформатика» и соответствует профилю Совета.

Председатель комиссии

д.б.н. Гельфанд М.С.

Члены Комиссии

д.ф-м.н. Ройтберг М.А.

д.ф-м.н. Макеев В.Ю.

11 марта 2016 года