

ОТЗЫВ

на автореферат диссертации Колпакова Федора Анатольевича
«Компьютерное моделирование биологических систем и анализ
биомедицинских данных», представленной на соискание ученой
степени доктора биологических наук по специальности
1.5.8. – «Математическая биология, биоинформатика»

С завершением расшифровки геномов многих организмов, включая геном человека, исследователи перешли к следующей фазе – изучение и моделирование организмов и их частей как сложных нелинейных систем. Это привело к активному развитию нового научного направления – системной биологии, которая является междисциплинарной наукой о жизни. Однако, при построении больших моделей биологических систем выявились ограничения и области, которые не охвачены существующими подходами в системной биологии. Поэтому разработка технологии и инструментария построения и использования сложных моделей биологических систем в интеграции с анализом геномных/омиксных данных является актуальной задачей, решению которой посвящена диссертационная работа Колпакова Ф.А.

В диссертационной работе представлена оригинальная технология моделирования для итерационного создания, тестирования и использования сложных модульных моделей биологических систем. Использование предложенного подхода позволило создать наиболее полные модели сложных моделей биологических систем, включая: процессы, происходящие на клеточном уровне (метаболизм, транскрипция, отдельные пути передачи сигнала, апоптоз); регуляцию артериального давления у человека; лекарственную терапию артериальной гипертензии; эпидемиологию COVID-19. Представленные в работе математические модели регуляции артериального давления у человека и лекарственной терапии артериальной гипертензии являются одними из лучших в России и мире.

Автором разработана технология построения цифрового двойника пациента и показана ее применимость на примере оптимизации выбора лекарственной терапии для лечения артериальной гипертензии. При этом предложен новый подход - генерация популяции виртуальных пациентов для одного реального пациента - для решения проблемы неидентифицируемости части параметров модели.

Представленный в диссертационной работе программный комплекс BioUML можно рассматривать как полнофункциональную отечественную

биоинформатическую платформу, что особенно важно для обеспечения технологического суверенитета Российской Федерации в этой области. В этом качестве BioUML используется в ряде отечественных и зарубежных проектов.

Результаты диссертационной работы внедрены в научные исследования и образовательный процесс ряда организаций, включая: Институт аналитического приборостроения РАН, Институт белка РАН, Институт медико-биологических проблем РАН, Федеральный исследовательский центр информационных и вычислительных технологий, Новосибирский государственный университет, Казанский федеральный университет, Научно-технологический университет «Сириус».

Созданная база данных GTRD является высоко востребованной, широко используемой и цитируемой (400+ цитирований), включая цитирования в журналах Nature и Science.

На основании материала, изложенного в автореферате, считаю, что диссертационная работа Колпакова Федора Анатольевича «Компьютерное моделирование биологических систем и анализ биомедицинских данных», представленная на соискание ученой степени доктора биологических наук по специальности 1.5.8 – математическая биология, биоинформатика, является законченной научно-квалификационной работой, полностью соответствующей требованиям, предъявляемым к диссертациям на соискание ученой степени доктора наук согласно п. 9-14 «Положение о присуждении ученых степеней», утвержденного Постановлением Правительства РФ от 24.09.2013 № 842 (с последующими изменениями), а её автор заслуживает присуждения ученой степени доктора биологических наук по специальности 1.5.8. - математическая биология, биоинформатика.

ФГБНУ «Научно-исследовательский институт биомедицинской химии имени В.Н. Ореховича» (ИБМХ), Москва. Погодинская ул., д. 10, стр. 8.
Тел. 8(499)246 6980, эл. Почта: inst@ibmc.msk.ru

Заведующий лабораторией ИБМХ,
д.б.н. (по специальности 1.5.8.-
математическая биология, биоинформатика)
академик РАН

Лисица А.В.
(19.01.2024г.)

Подпись _____
заверяю
Ученый секретарь ИБМХ к.х.н. Карпова Е.А.