

## ОТЗЫВ НАУЧНОГО РУКОВОДИТЕЛЯ

о диссертационной работе Матвеева Евгения Викторовича  
«Предсказание сайтов протеолиза на основе информации о пространственной  
структуре потенциальных субстратов»  
на соискание ученой степени кандидата биологических наук  
по специальности 1.5.8. «математическая биология, биоинформатика»,  
представленной в диссертационный совет 24.1.101.1 при ФГБУН Институт  
проблем передачи информации им. А.А. Харкевича РАН

Евгений начал интересоваться темой биологии протеаз ещё во время обучения в университете, выполнив по этой теме как курсовую, так и дипломную работу. Выбор темы кандидатской диссертации стал логичным продолжением его ранних исследований. Научная работа, представляемая Евгением, посвящена разработке биоинформатического инструмента для предсказания мишеней протеолиза для широкого спектра протеолитических ферментов. Эта задача особенно актуальна, поскольку большинство существующих подходов ориентированы на ограниченное число ферментов и не обладают универсальностью.

На одном из ранних этапов работы стало понятно, что основой универсального подхода может стать отдельный модуль, учитывающий пространственные свойства белков. Это основано на том, что структура белка играет схожую роль в подверженности протеолизу, независимо от конкретного фермента. Евгений сосредоточился на разработке такого независимого модуля: он собирал доступные данные, анализировал предсказательные возможности различных структурных признаков, разрабатывал собственные признаки и подбирал методы машинного обучения для получения наилучших результатов. В итоге была создана модель, которая

показала хорошее качество предсказания, а в сочетании с моделями специфичности протеаз она продемонстрировала высокую точность.

Особо стоит отметить прикладную часть работы, в которой Евгений применил разработанные подходы к анализу протеолитической активации поверхностных белков коронавирусов. Его модель с высокой точностью определила известные активирующие протеазы, подтвердив свою прикладную состоятельность. Кроме того, проведённый им анализ мутаций в штаммах коронавируса выявил несколько аминокислотных замен, потенциально усиливающих эффективность протеолиза фуринового сайта. Две из трёх предсказанных мутаций действительно были обнаружены в новых, более инфекционных штаммах вируса, что свидетельствует о высоком прогностическом потенциале предложенного подхода и его значимости для изучения эволюции вирусов.

В целом, диссертационная работа Евгения представляет собой самостоятельное, научно обоснованное исследование высокого уровня, содержащее как теоретические разработки, так и прикладные результаты. Евгений зарекомендовал себя как вдумчивый, инициативный и ответственный исследователь, способный решать сложные научные задачи с применением современных биоинформатических методов и методов машинного обучения. Считаю, что представленная работа заслуживает высокой оценки, а её автор – присуждения учёной степени кандидата биологических наук по специальности 1.5.8. «математическая биология, биоинформатика».

09.06.2025

Зав. сектором ИППИ РАН,

к.т.н. М.Д. Казанов

