

ОТЗЫВ

научного руководителя на диссертационную работу

Рябых Григория Кирилловича

«РНК-хроматиновые взаимодействия: базы данных, интегративный анализ и функциональная аннотация»,

представленную на соискание ученой степени кандидата биологических наук по специальности 1.5.8 – «Математическая биология, биоинформатика»

Стремительное накопление экспериментальных данных о взаимодействиях РНК с хроматином, получаемых методами «один-против-всех» (ОТА) и «все-против-всех» (АТА), привело к ситуации, когда разрозненные наборы данных, обработанные с использованием несопоставимых вычислительных конвейеров, стали практически непригодны для систематического анализа и интеграции. Диссертационная работа Г.К. Рябых посвящена решению этой фундаментальной методологической проблемы – созданию унифицированной аналитической инфраструктуры, позволяющей стандартизировать обработку, хранить, сопоставлять и интерпретировать полногеномные карты РНК-хроматиновых контактов. Актуальность темы не вызывает сомнений, поскольку предложенные решения не только обеспечивают возможность корректного сравнения данных, но и открывают новые перспективы для выявления функциональной роли некодирующих РНК в эпигенетической регуляции хроматина.

В ходе работы Г.К. Рябых впервые разработан и применен единый стандартизированный вычислительный протокол для обработки сырых данных всех основных экспериментальных подходов, что позволило обеспечить сопоставимость ранее разрозненных массивов. На основе этого протокола создана первая специализированная аналитическая база данных RNA-Chrom (<https://rnachrom2.bioinf.fbb.msu.ru>), аккумулирующая более 5 миллиардов РНК-хроматиновых контактов для человека, мыши, свиньи и анолиса. База данных снабжена удобным веб-интерфейсом, предоставляющим два взаимодополняющих режима анализа – «от РНК» и «от ДНК», что существенно упрощает для исследователей переход от сырых данных к биологически значимым гипотезам.

Важным компонентом диссертации стала разработка программного инструмента Fastq-dupaway, предназначенного для ресурсоэффективного удаления ПЦР-дубликатов из данных секвенирования. Предсказуемо низкое потребление оперативной памяти (~2 ГБ) и высокая скорость работы позволяют использовать этот инструмент на вычислительной инфраструктуре с ограниченными ресурсами, что решает актуальную задачу обработки больших данных NGS.

Для перехода от карт физических взаимодействий к функциональным гипотезам Г.К. Рябых реализовал интеграцию базы данных RNA-Chrom с ресурсом HiMoRNA, содержащим миллионы корреляций между экспрессией длинных некодирующих РНК и эпигенетическими метками. На примере конкретных РНК (PVT1, MIR31HG и др.) показано, что такая интеграция позволяет не только верифицировать известные механизмы, но и генерировать новые, проверяемые предположения о роли некодирующих транскриптов в регуляции хроматина.

Особо следует выделить проведенный Г.К. Рябых первый полномасштабный сравнительный анализ всего корпуса данных РНК-хроматинового интерактома.

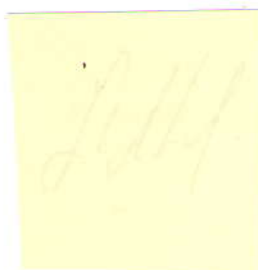
Введенная им метрика «хроматиновый потенциал» позволяет количественно оценивать специфичность связывания РНК с хроматином, а анализ конкордантности и разрешения методов ОТА и АТА дал четкие критерии для выбора оптимальных подходов и фильтрации шума. На основе этих результатов предложена стратегия анализа данных как ОТА, так и АТА, что существенно повышает достоверность интерпретации.

В процессе работы над диссертацией Г.К. Рябых проявил себя как самостоятельный, настойчивый и высококвалифицированный исследователь. Он продемонстрировал глубокое понимание как современных экспериментальных подходов к картированию РНК-хроматиновых взаимодействий, так и сложных методов биоинформатического анализа. Критическое отношение к собственным результатам, способность выявлять и преодолевать методологические ограничения, а также умение формулировать четкие практические рекомендации свидетельствуют о его зрелости как ученого.

По теме диссертации опубликовано 6 печатных работ, из них 5 статей в рецензируемых научных изданиях, рекомендованных для защиты в диссертационном совете МГУ по специальности 1.5.8. Результаты работы неоднократно представлялись на российских и международных конференциях, в том числе в виде устных докладов, что подтверждает их высокий уровень и востребованность научным сообществом.

Считаю, что диссертационная работа Григория Кирилловича Рябых является законченным научным исследованием, полностью соответствует паспорту специальности 1.5.8 – «Математическая биология, биоинформатика» (биологические науки), и может быть рекомендована к защите.

Научный руководитель
профессор,
доктор биологических наук
профессор факультета биоинженерии
и биоинформатики МГУ



А.А. Миронов
25 марта 2026 г.



исх. № 490206/2026
с.А. Рябых