

ОТЗЫВ

**на автореферат диссертационной работы Рябых Григория Кирилловича
на тему: «РНК-хроматиновые взаимодействия: базы данных, интегративный
анализ и функциональная аннотация», представленной на соискание ученой
степени кандидата биологических наук по специальности 1.5.8 «Математическая
биология, биоинформатика»**

Диссертационная работа Рябых Г.К. посвящена актуальной и важной проблеме современной биоинформатики и молекулярной биологии – анализу, систематизации и функциональной интерпретации данных РНК-хроматиновых взаимодействий. В последние годы накоплен значительный объем экспериментальных данных, полученных методами изучения РНК-хроматинового интерактома, однако их прямое сопоставление существенно затруднено из-за различий в экспериментальных протоколах и вычислительных конвейерах обработки. В связи с этим разработана единой аналитической инфраструктуры для стандартизированной обработки, хранения, сравнения и интеграции таких данных является своевременной и научно значимой задачей.

Актуальность работы определяется также возрастающим интересом к некодирующим РНК, многие из которых функционируют в ядре и участвуют в регуляции транскрипции, ремоделировании хроматина и поддержании его пространственной организации. Функциональная интерпретация РНК-хроматиновых контактов требует не только накопления экспериментальных данных, но и их унифицированной обработки, количественной оценки, сравнения воспроизводимости и интеграции с другими типами полногеномной информации. Работа Рябых Г.К. направлена именно на решение этих задач и имеет как фундаментальное, так и практическое значение.

Работа выполнена на высоком научном и методическом уровне с использованием современных подходов биоинформатики, вычислительной биологии и анализа данных высокопроизводительного секвенирования. Автором разработан и применен единый стандартизированный вычислительный протокол обработки данных РНК-хроматинового интерактома, полученных методами «один-против-всех» (ОТА) и «все-против-всех» (АТА). Такой подход позволил обеспечить сопоставимость ранее разрозненных наборов данных и создать основу для их систематического сравнительного анализа.

Принципиально важным результатом диссертационной работы является создание специализированной аналитической базы данных RNA-Chrom, содержащей обширный массив унифицированных данных о РНК-хроматиновых контактах человека и мыши.

Наличие веб-интерфейса, поддерживающего сценарии анализа «от РНК» и «от ДНК», существенно повышает практическую ценность ресурса и делает его удобным инструментом для широкого круга исследователей, занимающихся изучением функций некодирующих РНК и регуляции генома.

Особо следует отметить проведенный автором полномасштабный сравнительный анализ данных РНК-хроматинового интерактома, полученных методами ОТА и АТА. Автором количественно охарактеризованы разрешение, полнота, специфичность и воспроизводимость данных разных типов, а также предложены практические рекомендации по повышению надежности их интерпретации. В частности, показана необходимость отбора РНК с высоким хроматиновым потенциалом при анализе данных АТА и использования воспроизводимых контактов, попадающих в статистически значимые пики, при анализе данных ОТА и АТА.

Существенным достоинством работы является разработка программного инструмента Fastq-dupaway, предназначенного для ресурсоэффективного удаления ПЦР-дубликатов из данных секвенирования нового поколения. Данный инструмент имеет самостоятельную методическую ценность, поскольку может применяться не только в задачах анализа РНК-хроматинового интерактома, но и в других геномных исследованиях, требующих обработки больших объемов NGS-данных при ограниченных вычислительных ресурсах.

Методологически важным представляется также интеграция базы RNA-Chrom с ресурсом HiMoRNA, позволившая перейти от описания физических контактов РНК с хроматином к формированию функциональных гипотез о роли длинных некодирующих РНК в эпигенетической регуляции генов. Представленные в автореферате примеры, включая анализ днРНК MIR31HG и PVT1, демонстрируют применимость предложенного подхода для выявления потенциально значимых регуляторных связей и последующей экспериментальной проверки.

Практическая ценность работы определяется созданием базы данных RNA-Chrom и пользовательского веб-интерфейса, позволяющих исследователям работать с унифицированными данными РНК-хроматинового интерактома без необходимости их самостоятельной повторной обработки. Это особенно важно для области, в которой результаты разных исследований часто оказываются плохо сопоставимыми из-за различий в вычислительных протоколах. Использование созданного ресурса RNA-Chrom в независимых исследованиях, связанных с анализом функций длинных некодирующих

РНК и построением интегративных моделей РНК–белок–ДНК взаимодействий является дополнительным подтверждением практической значимости работы.

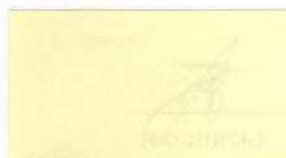
Основные результаты диссертации опубликованы в 5 рецензируемых научных изданиях, причём в трёх работах соискатель является первым автором.

Автореферат соответствует основным идеям и положениям диссертации. К незначительным недостаткам автореферата можно отнести мелкие подписи на рисунке 2.

Диссертационная работа Рябых Г.К. представляет собой завершённое научное исследование, выполненное на высоком методическом уровне. Работа соответствует требованиям, установленным Московским государственным университетом имени М.В. Ломоносова к работам подобного рода. Содержание диссертации соответствует специальности 1.5.8 «Математическая биология, биоинформатика» по биологическим наукам, а также критериям, определенным пп. 2.1–2.5 Положения о присуждении ученых степеней в Московском государственном университете имени М.В. Ломоносова. Диссертация оформлена согласно требованиям Положения о совете по защите диссертаций на соискание ученой степени кандидата наук Московского государственного университета имени М.В. Ломоносова.

Диссертация Рябых Григория Кирилловича «РНК-хроматиновые взаимодействия: базы данных, интегративный анализ и функциональная аннотация» соответствует требованиям, предъявляемым к кандидатским диссертациям, и ее автор заслуживает присуждения ученой степени кандидата биологических наук по специальности 1.5.8 «Математическая биология, биоинформатика».

с.н.с. НИО ИМПТиТЗ
им. Е.И. Марциновского
(Сеченовский Университет),
к.б.н.
Алешина Юлия Александровна



Алешина Ю.А.
(Ф.И.О.)

«10» июня 2026 г.

Подпись Ю.А. Алешиной удостоверяю:
Начальник отдела кадров

Федеральное государственное автономное образовательное учреждение высшего образования Первый Московский государственный
Сеченова Министерства здравоохранения Российской Федерации (Сеченовский Университет).
Бойцова Ольга Николаевна

10.06.2026