

ЗАКЛЮЧЕНИЕ ДИССЕРТАЦИОННОГО СОВЕТА НТУ.1.5.8.01
АВТОНОМНОЙ НЕКОММЕРЧЕСКОЙ ОБРАЗОВАТЕЛЬНОЙ
ОРГАНИЗАЦИИ ВЫСШЕГО ОБРАЗОВАНИЯ
«НАУЧНО-ТЕХНОЛОГИЧЕСКИЙ УНИВЕРСИТЕТ «СИРИУС»

по диссертации на соискание ученой степени кандидата биологических наук

аттестационное дело № _____

решение диссертационного совета

от 28 октября 2024 г. № 1

о присуждении ученой степени кандидата биологических наук Колмыкову Семёну Константиновичу, гражданину Российской Федерации, представившему диссертационную работу на тему: «Разработка методов контроля качества и построения карты геномных районов связывания транскрипционных факторов на основе сравнительного анализа ChIP-seq экспериментов» по научной специальности 1.5.8. Математическая биология, биоинформатика.

Диссертационная работа принята к защите 25.09.2024 г, протокол №1, диссертационным советом НТУ.1.5.8.01 Автономной некоммерческой образовательной организацией высшего образования «Научно-технологический университет «Сириус», 354349, Российская Федерация, Краснодарский край, федеральная территория «Сириус», Олимпийский проспект, д.1.

Состав диссертационного совета утвержден в количестве 8 человек приказом исполняющего обязанности Директора АНОО ВО «Университет «Сириус» № 350/1-ОД-У от 18.09.2024. Ученый секретарь не является членом диссертационного совета и не участвует в процедурах голосования в соответствии с п. 2.7. Положения о совете по защите диссертаций на соискание ученой степени кандидата наук, на соискание ученой степени доктора наук АНОО ВО «Университет «Сириус».

Соискатель: Колмыков Семён Константинович, 20 мая 1993 года рождения, окончил:

в 2015 году федеральное государственное автономное образовательное учреждение высшего образования «Новосибирский национальный исследовательский государственный университет», Novosibirsk State

University (NSU), г. Новосибирск, с присвоением квалификации биолог по специальности 020201 Биология, диплом серии номер 105424 0955847;

в 2020 году федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Федеральный исследовательский центр Институт цитологии и генетики Сибирского отделения Российской академии наук», г. Новосибирск, программу подготовки научно-педагогических кадров в аспирантуре по направлению подготовки (очную аспирантуру) 06.06.01 Биологические науки присвоением квалификации «Исследователь. Преподаватель-исследователь», диплом серии номер 105424 4198923.

В период подготовки диссертации по настоящее время соискатель работал в должности младшего научного сотрудника направления «Вычислительная биология» Научного центра генетики и наук о жизни АНОО ВО «Университет «Сириус».

Работа выполнена в автономной некоммерческой образовательной организации высшего образования «Научно-технологический университет «Сириус», федеральная территория «Сириус».

Научный руководитель – доктор биологических наук **Колпаков Федор Анатольевич**, научный руководитель направления «Вычислительная биология», Научный центр генетики и наук о жизни, АНОО ВО «Университет «Сириус».

Члены диссертационного совета:

доктор биологических наук, профессор, академик РАН, **Рогаев Евгений Иванович**, научный руководитель Научного центра генетики и наук о жизни, Автономная некоммерческая образовательная организация высшего образования «Научно-технологический университет «Сириус», федеральная территория «Сириус»;

доктор биологических наук, доцент, **Афонников Дмитрий Аркадьевич**, ведущий научный сотрудник, заведующий лабораторией эволюционной биоинформатики и теоретической генетики, Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Федеральный исследовательский центр Институт цитологии и генетики Сибирского отделения Российской академии наук» (ИЦиГ СО РАН), г. Новосибирск;

доктор химических наук, **Головин Андрей Викторович**, профессор направления «Вычислительная биология» Научного центра генетики и наук о жизни, Автономная некоммерческая образовательная организация высшего

образования «Научно-технологический университет «Сириус», федеральная территория «Сириус»;

доктор биологических наук, **Кулаковский Иван Владимирович**, ведущий научный сотрудник группы регуляции биосинтеза белка, Федеральное государственное бюджетное учреждение науки Институт белка Российской академии наук, г. Пущино;

доктор биологических наук, профессор **Миронов Андрей Александрович**, профессор факультета биоинженерии и биоинформатики, Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования «Московский государственный университет имени М.В. Ломоносова», г. Москва;

доктор биологических наук, профессор РАН, **Орлов Юрий Львович**, профессор кафедры информационных и интернет-технологий, Федеральное государственное автономное образовательное учреждение высшего образования Первый Московский государственный медицинский университет имени И.М. Сеченова Министерства здравоохранения Российской Федерации (Сеченовский Университет), г. Москва;

доктор биологических наук, профессор РАН, **Попов Даниил Викторович**, ведущий научный сотрудник, заведующий лабораторией физиологии мышечной деятельности, Федеральное государственное бюджетное учреждение науки Государственный научный центр Российской Федерации Институт медико-биологических проблем Российской академии наук, г. Москва;

кандидат биологических наук, **Фишман Вениамин Семенович**, ведущий научный сотрудник, заведующий сектором геномных механизмов онтогенеза, Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Федеральный исследовательский центр Институт цитологии и генетики Сибирского отделения Российской академии наук» (ИЦиГ СО РАН), г. Новосибирск,

дали положительные отзывы о диссертации.

Основные положения и выводы по диссертации в полной мере отражены в 25 научных публикациях, в том числе 13 публикаций в изданиях, индексируемых международными базами данных Web of Science и Scopus, из них 8 статей, индексируемых в журналах Q-1, 1 – в журнале Q-2 и 12 в прочих рецензируемых изданиях общим объемом 9,3 печатных листа. Соискатель является первым автором 3-х публикаций, опубликованных в журналах Q-1, Q2, индексируемых международными базами данных Web of Science и Scopus,

что соответствует критериям, предъявляемым к соискателям, установленным АНОО ВО «Университет «Сириус».

Наиболее значительные публикации по теме диссертации:

1. **Kolmykov S.**, Yevshin I.S., Kulyashov M., Sharipov R.N., Kondrakhin Y., Makeev V.J., Kulakovskiy I.V., Kel A., Kolpakov F. GTRD: an integrated view of transcription regulation //Nucleic Acids Research – 2021. – Т. 49 – № D1. – С. D104-D111 (Q1; IF=16.6).
2. **Kolmykov S.K.**, Kondrakhin Y.V., Yevshin I.S., Sharipov R.N., Ryabova A.S., Kolpakov F.A. Population size estimation for quality control of ChIP-Seq datasets //PloS ONE – 2019. – Т. 14. – №. 8. – С. e0221760 (Q1; IF=2.9).
3. **Kolmykov S.**, Vasiliev G., Osadchuk L., Kleshev M., Osadchuk A. Whole-Exome Sequencing Analysis of Human Semen Quality in Russian Multiethnic Population //Frontiers in Genetics – 2021. – Т. 12. – С. 662846 (Q2; IF=2.8).
4. Vorontsov IE, Eliseeva IA, Zinkevich A, Nikonov M, Abramov S, Boytsov A, Kamenets V, Kasianova A, **Kolmykov S**, Yevshin IS, Favorov A, Medvedeva YA, Jolma A, Kolpakov F, Makeev VJ, Kulakovskiy IV. HOCOMOCO in 2024: a rebuild of the curated collection of binding models for human and mouse transcription factors //Nucleic Acids Research– 2024. – Т. 52. – №. D1.– С. D154-D163 (Q1).
5. Kolpakov F., Akberdin I.R., Kiselev I.N., **Kolmykov S.K.**, Kondrakhin Y., Kulyashov M., Kutumova E.O., Pintus S.S., Ryabova A., Sharipov R.N., Yevshin I.S., Zhatchenko S., Kel A. BioUML– towards a universal research platform //Nucleic Acids Research– 2022. – Т.50. –№. W1. – С.W124-W131 (Q1).
6. Kolpakov F., Akberdin I., Kashapov T., Kiselev I., **Kolmykov S.**, Kondrakhin Y., Kutumova E., Mandrik N., Pintus S., Ryabova A., Sharipov R.N., Yevshin I., Kel A. BioUML: an integrated environment for systems biology and collaborative analysis of biomedical data //Nucleic Acids Research – 2019.– Т. 47.– №. W1.– С. W225-W233 (Q1).
7. Abramov S., Boytsov A., Bykova D., Penzar D.D., Yevshin I., **Kolmykov S.K.**, Fridman M.V., Favorov A.V., Vorontsov I.E., Baulin E., Kolpakov F.A., Makeev V.J., Kulakovskiy I.V. Landscape of allele-specific transcription factor binding in the human genome //Nature Communications – 2021. – Т. 12. – №. 1.– С. 2751 (Q1).
8. Boytsov A, Abramov S, Aiusheeva AZ, Kasianova AM, Baulin E, Kuznetsov IA, Aulchenko YS, **Kolmykov S**, Yevshin I, Kolpakov F, Vorontsov IE,

Makeev VJ, Kulakovskiy IV. ANANASTRA: annotation and enrichment analysis of allele-specific transcription factor binding at SNPs //Nucleic Acids Research – 2022. – Т. 50. – №. W1. – С. W51-W56 (Q1).

9. Yevshin I., Sharipov R., **Kolmykov S.**, Kondrakhin Y., Kolpakov F. GTRD: a database on gene transcription regulation-2019 update //Nucleic Acids Research. – 2018. – Т. 47. – №. D1.– С. D100-D105 (Q1).

В диссертации отсутствуют недостоверные сведения об опубликованных соискателем ученой степени работах.

На диссертацию и автореферат поступило 5 отзывов (все положительные).

1. Федеральное государственное бюджетное учреждение науки Институт систем информатики им. А.П. Ершова Сибирского отделения Российской академии наук подписал **Антонец Денис Викторович**, кандидат биологических наук, ведущий программист лаборатории моделирования сложных систем.

Без замечаний.

2. Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Федеральный исследовательский центр Институт цитологии и генетики Сибирского отделения Российской академии наук» (ИЦиГ СО РАН) подписал **Пономаренко Михаил Павлович**, доктор биологических наук, ведущий научный сотрудник лаборатории эволюционной биоинформатики и теоретической генетики.

Без замечаний.

3. Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Федеральный исследовательский центр Институт цитологии и генетики Сибирского отделения Российской академии наук» (ИЦиГ СО РАН) подписал **Левицкий Виктор Георгиевич**, кандидат биологических наук, старший научный сотрудник лаборатории эволюционной биоинформатики и теоретической генетики.

Замечания. «стр. 3. Очень резкая смена темы повествования сразу на первой странице текста, в самом первом разделе, Актуальность темы исследования: ... Поэтому актуальной является задача разработки алгоритма определения наиболее достоверных РСТФ на основе мета-анализа сходных ChIP-seq экспериментов для заданного ТФ. В последние несколько десятилетий в различных регионах мира наблюдается снижение мужского репродуктивного потенциала... Важное достоинство GTRD состоит в том, что

она ориентирована на получение биологических результатов на основе массового анализа собранных в базе данных, именно это должно быть написано при переходе от общего введения (NGS, ChIP-seq, GTRD) к вопросам массового анализа данных, в частности, от мета-анализа ChIP-seq к теме анализа однонуклеотидных геномных вариантов (SNV) и исследования мужского репродуктивного потенциала, нужно было бы осветить именно как удобство и адаптацию GTRD для получения конкретных биологических результатов.

стр. 4 ...Также до конца нерешённым остается вопрос об интеграции имеющихся данных ... Здесь ошибки и в логике, и в русском языке. Более точно писать – Также не решённым до конца. Я бы склонился ближе к отдельному написанию, это следует из того, что вопрос как раз решался, но до конца не был решён, поэтому его нельзя считать нерешённым.

Перед списком задач не написано, что это список задач.

Вводится термин однонуклеотидных геномных вариантов (SNV), а затем на стр. 5 – ..однонуклеотидные геномные вариации... Нужно быть строже в терминологии

стр. 6 ...НОСОМОСО (<https://hocomocol1.autosome.ru/>)... Чуть менее года назад вышла версия 12 (<https://hocomocol12.autosome.ru/>) с гораздо большим числом мотивов сайтов связывания транскрипционных факторов - в 2-3 раза, чем было в версии 11, в версии не использованы данные GTRD? Насколько мне известно переход к версии 12 существенно улучшил как количество, так и качество данных, между двумя выпусками прошло 6 лет. Среди авторов версии Носотосо 12 соискателя найти можно (NAR 2024), а вот версии Носотосо И его нет (NAR 2018), см. <https://doi.org/10.1093/nar/gkx1106> и <https://doi.org/10.1093/nar/gkad1077> Возникает вопрос о том, насколько велик вклад автора в версии Носотосо 11 и 12, лучше избегать таких вопросов, так как не все знают, что Носотосо и GTRD плотно интегрированы, а аспирантура автора была закончена в 2020 г., и до этого он несколько лет уже работал с базой данных GTRD, в частности по конвейеру обработки данных для базы данных Носотосо.

стр. 7 ...База данных GTRD - результат работы большого количества аннотаторов и биоинформатиков. В ходе диссертационной работы автором лично проаннотировано 1701 DNase-seq и 1347 ChIP-seq экспериментов для человека... Необходимо указать версию GTRD, она регулярно обновляется.

стр. 8 опечатка - в обзоре литературе

стр. 10 ...Поиск мотивов связывания ТФ (МСТФ) из БД НОСОМОСО в РСТФ...

не указан инструмент

стр. 11. Автореферат заслуживает своей нумерации рисунков. Рисунок 3.1.1 и т.д. - он первый в автореферате

стр. 13, 14 PWM - не определён термин, AUC - не определён термин

рис. 18 ...Анализ воспроизводимости РСТФ разными алгоритмами идентификации РСТФ в рамках одного ChIP-seq эксперимента показал, что в среднем полностью воспроизводится -10% от общего числа РСТФ... Термин воспроизводимость тут спорен, так как неконсервативность РСТФ в разных экспериментах ChIP-seq не означает, что где-то есть ошибка, я подозреваю, что данные GTRD как раз и могут помочь лучше понимать специфичность работы ТФ в разных типах клеток и на разных стадиях развития. Стремление получить идеальные мета-кластеры приведёт, к отмечено в автореферате, к генам домашнего хозяйства и убьёт все эффекты тканеспецифичности. Не понятно, речь в заключении идёт о наложении результатов peak callers разных, или о наложении ChIP-seq экспериментов разных. В целом, данные агрегации данных отражают частоты экспериментов ChIP-seq, проведённых в разных тканях, стадиях. Некоторые ТФ узкоспецифичны по тканям (AR), другие не очень (Foxal). Это поле для артефактных выводов из анализа данных.

стр. 21 ...которые расположены в наиболее воспроизводимых геномных районах связывания трёх транскрипционных факторов: AR, CTCF и SRBP2, участвующих в регуляции сперматогенеза, и влияют на эффективность их связывания с ДНК... Это в какой степени отражает, что очень много данных ChIP-seq для AR по ткани простаты, например?».

4. Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Федеральный исследовательский центр Институт цитологии и генетики Сибирского отделения Российской академии наук» (ИЦиГ СО РАН) подписали **Лашин Сергей Александрович**, кандидат биологических наук, ведущий научный сотрудник и **Казанцев Федор Владимирович**, кандидат биологических наук, старший научный сотрудник.

Замечания. «1) О том, что работа посвящена обработке ChIP-seq данных именно человека мы узнаем только в пятом абзаце. К сожалению, и в конце отсутствует обсуждение о применимости разработанного подхода для других организмов.

2) Небрежное использование сокращений по тексту. Их много, они на двух

языках (русском и английском), часто встречаются вперемешку. Например, «Оценка доли ложноположительных (FP) РСТФ при помощи FPCM (False Positive Control Metric)», «расположением предсказанных МСТФ в РСТФ», «анализ взаимосвязи между значениями FPCM и изменением эффективности идентификации МСТФ в полном наборе РСТФ в ответ на удаление F1 РСТФ». На странице 16 автореферата первый абзац является ярким примером смешения терминов, сокращений и английских названий, что затрудняет чтение работы.

3) В тексте приводятся короткие названия транскрипционных факторов, которые теряются на фоне других сокращений. В ряде случаев только из контекста понятно, что имелось ввиду. Например, «сниженное количество F1 РСТФ в РОХ».

4) На рисунке 3.1.1. присутствует схема разбиения РСТФ на 4-е группы F1-F4, но не расшифрован принцип деления на эти группы.

5) Особняком выглядит задача 4 и соответствующей ей последний абзац в разделе «Актуальность». Хотелось бы видеть более логичную связку цели и всех задач работы.»

5. Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Федеральный исследовательский центр Институт цитологии и генетики Сибирского отделения Российской академии наук» (ИЦиГ СО РАН) подписал **Цуканов Антон Витальевич**, кандидат биологических наук, младший научный сотрудник.

Замечания. «1) в автореферате присутствуют опечатки. 2) Так же есть дискуссионный вопрос: «Насколько корректно верифицировать РСТФ на данных открытого хроматина (ATAC-seq, DNase-seq), если эти данные обрабатываются с использованием таких же инструментов, что и ChIP-seq (например, MACS2)?»»

Выбор членов диссертационного совета обосновывается требованиями, установленными Положением о присуждении ученых степеней Автономной некоммерческой образовательной организацией высшего образования «Научно-технологический университет «Сириус» (в действующей редакции). Члены диссертационного совета являются ведущими, компетентными, признанными научным сообществом специалистами. Их списки научных трудов за последние 5 лет в ведущих биологических журналах свидетельствуют о том, что каждый из членов диссертационного совета является квалифицированным специалистом в области биоинформатики и регуляторной геномики. Доля членов диссертационного совета, имеющих

совместные публикации с соискателем, не превышает 1/2 от общего количества членов диссертационного совета.

В соответствии с пунктами 3.8 и 3.10 Положения о присуждении ученых степеней АНОО ВО «Университет «Сириус» назначение официальных оппонентов и ведущей организации не требуется.

Диссертационный совет отмечает, что на основании выполненных соискателем исследований доказано, что разработанный на основе применения методов коллективного выбора новый алгоритм METARA для анализа ChIP-seq экспериментов, позволяет выявлять наиболее вероятные районы связывания ТФ, располагающиеся в районах открытого хроматина в геноме эукариот и содержащие мотивы связывания транскрипционных факторов (ТФ), предсказанные позиционной весовой матрицей.

Доказано, что разработанные новые методы оценки качества данных ChIP-seq экспериментов позволяют на основании сопоставления результатов применения четырех алгоритмов поиска районов связывания ТФ с ДНК – MACS2, GEM, SISSRs и PICS, оценить долю ложно идентифицированных и долю ложно неидентифицированных районов связывания в рамках одного ChIP-seq эксперимента. Показано, что районы связывания ТФ, которые детектируются только одним из алгоритмов – MACS2, GEM, SISSRs или PICS, при высоких значениях доли ложно идентифицированных районов обладают более низкой эволюционной консервативностью, сниженной вероятностью расположения в областях открытого хроматина и пересечения с мотивами связывания ТФ, предсказанными позиционной весовой матрицей, а также сниженной воспроизводимостью в других схожих ChIP-seq экспериментах.

Теоретическая значимость работы обоснована тем, что разработаны новые высокоэффективные алгоритмы и методы идентификации наиболее достоверных районов связывания ТФ с ДНК, что позволило построить наиболее полную карту геномных районов связывания ТФ с ДНК. Также были выявлены однонуклеотидные геномные вариации, ассоциированные с патологиями процессов сперматогенеза. В частности, впервые выявлены однонуклеотидные геномные варианты – rs138595914, rs2304961, rs2270420, rs71486131, которые расположены в наиболее воспроизводимых геномных районах связывания трёх транскрипционных факторов: AR, CTCF и SRBP2, участвующих в регуляции сперматогенеза, и влияют на эффективность их.

Значение полученных соискателем результатов исследования для практики подтверждается тем, что создана уникальная коллекция данных ChIP-seq и DNase-seq экспериментов, систематизированных по тканям и

клеточным типам человека, которая введена в структуру базы данных GTRD и доступна по ссылке (<http://gtrd.biouml.org>). Коллекция легла в основу веб-ресурсов HOCOMOCO (<https://hocomoco11.autosome.ru/>), ANANASTRA (<https://ananastra.autosome.ru/>), ADASTRA (<https://adastra.autosome.ru/>), BaMM motif (<https://bammmotif.soedinglab.org/>), mSigDB (<https://www.gsea-msigdb.org/gsea/msigdb/collections.jsp#C3>), а также широко используется для проверки гипотез широкого круга биомедицинских исследований, что подтверждается большим числом цитирований.

Разработаны новые методы контроля качества ChIP-seq данных и алгоритмы для мета-анализа и приоритезации наиболее достоверных районов связывания ТФ с ДНК, что позволило построить наиболее полные карты районов связывания ТФ и кофакторов в геноме человека доступные по ссылке: <http://gtrd.biouml.org:8888/egrid/bigBeds/hg38/ChIP-seq>.

Полученные в диссертационной работе данные и разработанный инструментарий представляют интерес для научных учреждений биологического и медицинского направления, связанных с изучением молекулярно-генетических механизмов регуляции экспрессии генов у высших эукариот, включая человека, и могут быть использованы в образовательном процессе при чтении курсов по биоинформатике, общей и медицинской генетике, клеточной и молекулярной биологии.

Разработанные методы и алгоритмы представлены в составе платформы BioUML в виде программных модулей, доступны по ссылке: <https://ict.biouml.org/> и могут быть использованы заинтересованными исследователями.

Применительно к проблематике диссертации результативно использованы современные методы и подходы идентификации районов связывания ТФ в геноме высших организмов на основе ChIP-seq и DNase-seq данных, включая MACS2, GEM, SISRrs и PICS, а также метод линейной регрессии, реализованной в программном пакете PLINK – для анализа ассоциации геномных вариантов с различными морфологическими признаками сперматозоидов, ресурсы SRA, GEO и ENCODE – для создания коллекции ChIP-seq и DNase-seq экспериментов, BRENDA, UBERON, Cell Ontology и Cellosaurus – для стандартизации описания данных по тканевым и клеточным типам, ADASTRA и GTEx – для анализа влияния однонуклеотидных вариантов, ассоциированных с аномалиями морфологии сперматозоидов, на регуляцию транскрипции. Качество данных секвенирования нового поколения оценивалось на основе рекомендаций

международного консорциума ENCODE.

Оценка достоверности результатов основывается на использовании для валидации разработанных в работе методов более десяти тысяч ChIP-seq экспериментов, а также дополнительных источников информации, таких как более тысячи DNase-seq экспериментов, описывающих районы открытого хроматина, идентификации в геноме мотивов связывания транскрипционных факторов и оценке эволюционной консервативности геномных районов связывания.

Для статистической обработки данных применялись расчёты коэффициента корреляции Пирсона, ROC-кривой, критерия суммы рангов Уилкоксона (U-тест), поправки на множественную проверку гипотез. Также использовались модели множественной регрессии, включая метод простых наименьших квадратов, алгоритм случайного леса и метод опорных векторов.

Идентификация однонуклеотидных геномных вариантов в полноэкзомных данных производилась по стандартам GATK Best Practices.

Личный вклад автора заключается в непосредственном участии в описании данных ChIP-seq и DNase-seq экспериментов для базы данных GTRD, разработке методов оценки качества ChIP-seq данных и алгоритма применения методов коллективного выбора для приоритезации наиболее достоверных районов связывания ТФ, разработке конвейера для идентификации районов открытого хроматина, сценария идентификации однонуклеотидных вариантов и анализа их ассоциации с различными показателями нарушения морфологии сперматозоидов, а также участии в подготовке публикаций. Основные результаты исследования и их интерпретация получены автором самостоятельно.

Интеграция в БД GTRD различных онтологий клеточных типов и экспериментальных условий проведена совместно с Куляшовым М. А. (АНОО ВО Университет «Сириус», федеральная территория "Сириус").

Полученные соискателем научные результаты соответствуют п. 2 «Компьютерная системная биология (геномика, транскриптомика, протеомика, метаболомика, другие омиксные исследования)», п. 5 «Идентификация потенциальных биомаркеров с целью диагностики заболеваний и перспективных молекулярных мишеней новых лекарств», п. 11 «Организация, ведение и использование специализированных мультидисциплинарных банков данных и баз знаний по биологии и медицине, в т.ч. банков междисциплинарных данных.» и п. 12 «Разработка и применение новых вычислительных алгоритмов для анализа экспериментальных данных в

биологии и медицине» паспорта научной специальности 1.5.8. – математическая биология, биоинформатика (биологические науки).

Диссертационным советом сделан вывод о том, что диссертация представляет собой законченную научно-квалификационную работу, соответствует требованиям пп.2.1–2.6 Положения о присуждении ученых степеней Автономной некоммерческой образовательной организацией высшего образования «Научно-технологический университет «Сириус» утвержденного приказом от 25 декабря 2023 г. № 350/1-ОД-У, предъявляемым к диссертациям на соискание ученой степени кандидата наук.

На заседании диссертационного совета НТУ.1.5.8.01 АНОО ВО Университет «Сириус» 28 октября 2024 г., принято решение о присуждении ученой степени кандидата биологических наук Колмыкову Семёну Константиновичу за решение научной задачи, связанной с разработкой нового программного комплекса, повышающего эффективность картирования сайтов связывания транскрипционных факторов по данным ChIP-seq экспериментов, имеющей фундаментальное значение для изучения молекулярно-генетических механизмов регуляции экспрессии генов у высших эукариот и решения проблем вычислительной регуляторной геномики, в частности.

Присутствовало на заседании 7 членов совета, в том числе докторов наук по научной специальности, отрасли науки рассматриваемой диссертации 6.

При проведении тайного голосования члены диссертационного совета по вопросу присуждения ученой степени проголосовали:

«за» – 7;

«против» – 0.

Председатель
диссертационного совета НТУ.1.5.8.01
доктор химических наук, профессор

Ученый секретарь
диссертационного совета НТУ.1.5.8.01
кандидат биологических наук



А.В. Головин

И.Р. Акбердин

28 октября 2024 г.