

ОТЗЫВ НАУЧНОГО РУКОВОДИТЕЛЯ

на диссертацию Маджида Али Форгани

«Математическое моделирование антигенного сходства штаммов вируса гриппа с помощью вейвлет-преобразования»,

представляемой к защите на соискание ученой степени

кандидата физико-математических наук по специальности **05.13.18** –

математическое моделирование, численные методы и комплексы программ

Исследование, приведенное в диссертации М.А. Форгани, связано с математическим моделированием в вирусологии. Вирус гриппа является одним из наиболее распространенных. Вакцинация населения зачастую оказывается недостаточно эффективной из-за появления новых штаммов вируса гриппа. Для производства эффективной вакцины против гриппа необходимо определить степень сходства между штаммами известных и новых появляющихся вирусов. Традиционное лабораторное измерение антигенного сходства между штаммами вируса является сложным и длительным процессом.

В диссертации М.А. Форгани предложено решение задачи математического моделирования и прогнозирования антигенного сходства между штаммами вируса гриппа на основе последовательности белка, разработанных численных методов и реализованного программного комплекса.

Для построения модели антигенной эволюции вируса гриппа был использован подход, связанный с оцифровкой последовательности белка вируса на базе физико-химических характеристик аминокислот, что позволяет представить белок как многомерный объект. В результате оцифровки алфавитная кодировка белка заменяется на цифровую, получается численный одномерный сигнал, к которому можно применить методы обработки сигналов, основанные на теории вейвлет-преобразования. Входными данными модели являются две последовательности белка гемагглютинина двух штаммов вируса. Для измерения расстояния между аминокислотами конкретной позиции в двух штаммах вируса использован метод декомпозиции вейвлет-частиц. При этом рассчитывается множество линейных комбинаций, из которых выбирается та, которая дает большую корреляцию с результатами лабораторного анализа. Коррелирующие переменные рассчитываются с помощью предложенного в диссертации метода декомпозиции вейвлет-частиц. Этот метод предполагает разбиение точечной мутации вируса гриппа как явления на несколько мелких явлений, что должно позволить детально рассчитать и проследить за эволюцией белка вируса гриппа.

Метод декомпозиции вейвлет-частиц послужил основой разработки программного комплекса, реализующего прогноз степени сходства между штаммами вируса гриппа на основе последовательности их белка, а также программы, реализующей кластеризацию достаточно близких последовательностей белков вируса гриппа. Кроме того, разработаны средства визуализации результатов кластеризации путем построения трехмерного дерева эволюции. Эта программа также позволяет представить отношение между процессом эволюции и изменением в свойствах аминокислоты. Разработанная

система обеспечивает трехмерное отображение деревьев эволюции в среде виртуальной реальности.

В процессе исследований была проведена серия вычислительных экспериментов, основанных на использовании метода декомпозиции вейвлет-частиц. Для проведения вычислительных экспериментов использовались данные о штаммах гриппа субтипа H1N1, вызвавших эпидемии в период с 1998 г. по 2009г. Результаты вычислительных экспериментов показали высокую точность прогнозирования антигенного сходства штаммов вируса гриппа.

В ходе работы над диссертацией М.А. Форгани основательно изучил теорию вейвлет-анализа и его применение для обработки сигналов различного типа, в том числе связанных с биологическими объектами, уделил большое внимание изучению структуры и физико-химических свойств штаммов вируса гриппа. В настоящее время является эрудированным специалистом, способным проводить самостоятельные исследования на высоком современном уровне.

Результаты исследования М.А. Форгани были представлены специалистам в области теории приближения функций, компьютерных наук и визуализации, биологии и вирусологии. Следует отметить интерес, проявленный к результатам моделирования, со стороны вирусологов. Методы анализа сигналов, предложенные М.А. Форгани, могут быть использованы для изучения других биологических объектов. Результаты опубликованы в ведущих рецензируемых журналах, рекомендованных ВАК, и были представлены на конференциях и семинарах различного уровня.

Считаю, что диссертационная работа М.А. Форгани **«Математическое моделирование антигенного сходства штаммов вируса гриппа с помощью вейвлет-преобразования»** выполнена на высоком научном уровне, соответствует требованиям ВАК РФ, предъявляемым к кандидатским диссертациям. М.А. Форгани заслуживает присуждения ученой степени кандидата физико-математических наук по специальности 05.13.18 – математическое моделирование, численные методы и комплексы программ.

Научный руководитель:

кандидат технических наук,
заведующий сектором компьютерной визуализации
отдела системного обеспечения
Федерального государственного
бюджетного учреждения науки
Институт математики и механики им. Н.Н. Красовского
Уральского отделения Российской академии наук
e-mail: averbukh@imm.uran.ru

/Авербух Владимир Лазаревич/

08 октября 2018 г.

Федеральное государственное бюджетное учреждение науки
Институт математики и механики им. Н.Н. Красовского
Уральского отделения Российской академии наук (ИММ УрО РАН)
620990, Российская Федерация, г. Екатеринбург, ул. Софьи Ковалевской, д. 16.

