

ОТЗЫВ

на автореферат диссертационной работы Кирова Ильи Владимировича
**«Особенности организации повторяющихся элементов геномов растений,
выявленные с помощью новых омиксных подходов»**, представленной на
соискание ученой степени доктора биологических наук по специальности 1.5.7
– Генетика (биологические науки)

Диссертационная работа Кирова И.В. посвящена широкомасштабному изучению повторяющихся элементов в геномах растений, представляющих различные таксоны (однодольные, двудольные, мхи, всего 13 видов) на основе комплекса экспериментальных и биоинформационных методов.

Геномы растений обогащены повторяющимися элементами, tandemными повторами и мобильными элементами, которые могут играть важную роль в широком спектре биологических и эволюционных процессов. В частности, инсерции мобильных элементов вносят огромный вклад в генетическую вариабельность, меняют экспрессию генов, приводят к появлению новых генов. Тем самым они обеспечивают высокое генетическое разнообразие растений, на основе которого происходит адаптация к новым экологическим нишам и условиям окружающей среды. Следует отметить, что изучение повторяющихся фрагментов генома растений, мобильных элементов, может представлять практический интерес для селекционно-генетических исследований и биотехнологии, так как мобильные элементы являются источником мутагенеза.

Сложность организации повторенных элементов в геномах растений, их функционирования, сложность использования экспериментальных методов для анализа, пробелы в методах биоинформационного анализа, обусловили существенное развитие методической базы исследования в диссертационной работе. Это совокупность как существующих методов, так и специфических для конкретных задач экспериментальных и биоинформационических методов. Большим преимуществом данной работы является то, что экспериментальные и биоинформационические методы в работе дополняют друг друга, обеспечивая

получение уникальных результатов и новых знаний об особенностях структуры и функционирования повторенной ДНК. Важно при этом, что комплекс программ биоинформационического анализа (pyTanFinder, nanoTRF, DRAWID, NanoCasTE, nanotei) находится в свободном доступе для использования научным сообществом. Все это явилось методической основой для получения новых фундаментальных и прикладных биологических результатов в данной работе.

В работе впервые изучена структура повторяющихся последовательностей в геномах ряда культурных (подсолнечник, гречиха, лук и др.) и модельных растений (мох, арабидопсис), выделен и изучен набор новых высококопийных tandemных повторов. Проведены идентификация и детальное изучение на митотических и мейотических хромосомах организации центромерных районов и повторяющихся последовательностей у двух видов лука (*A. сера* и *A. fistulosum*). Впервые показано, что десятки LTR ретротранспозонов и сателлитные повторы растений экспрессируются как в нормальных, так и в стрессовых условиях. На основе технологий секвенирования ONT удалось идентифицировать новые мобильные элементы с доказанной активностью у тритикале, подсолнечника, рапса и арабидопсиса. Показано, что мобильные элементы могут кодировать белки с известными и неизвестными функциями.

Все поставленные задачи в работе решены на высоком уровне. Новизна исследования и полученных результатов не вызывает сомнений, так же как фундаментальная и прикладная значимость. Текст автореферата написан четко и ясно, сопровожден достаточным количеством иллюстративного материала. Автореферат дает полное представление о проделанной работе, полученным результатам, новизне и практической значимости. Выводы обоснованы и соответствуют решенным задачам. Результаты работы в полной мере опубликованы в изданиях, рекомендованных ВАК.

К несущественным недостаткам следует отнести ряд грамматических ошибок и опечаток в тексте.

Диссертационная работа соответствует требованиям, предъявляемым к диссертациям на соискание ученой степени доктора биологических наук в

соответствии с п. 9 «Положения о порядке присуждения ученых степеней», утверждённого Постановлением Правительства Российской Федерации от 24.09.2013 г. № 842, а ее автор, Киров Илья Владимирович, заслуживает присвоения степени доктора биологических наук по специальности 1.5.7 – генетика.

Я, Афонников Дмитрий Аркадьевич, согласен на включение в аттестационное дело и дальнейшую обработку моих персональных данных, необходимых для процедуры защиты диссертации Кирова Ильи Владимировича, исходя из нормативных документов Правительства РФ, Минобрнауки РФ и ВАК при Минобрнауки РФ, в том числе на размещение их в сети Интернет на сайте ИОГен РАН, на сайте ВАК, в единой информационной системе.

Афонников Дмитрий Аркадьевич
д.б.н. по специальности 1.5.8. Математическая
биология, биоинформатика,
доцент, в.н.с. лаборатории эволюционной биоинформатики и
теоретической генетики ФГБНУ ФИЦ «Институт цитологии
и генетики СО РАН»,
пр. Акад. Лаврентьева, 10, 630090, г.Новосибирск,
Тел.: +7(383) 363-49-63.
Эл. почта: ada@bionet.nsc.ru

Афонин

