

ОТЗЫВ

на автореферат диссертации Евгении Ивановны Бондар «Аннотация генома и предсказание сайтов начала транскрипции для лиственницы сибирской (*Larix sibirica* Ledeb.)», представленной на соискание ученой степени кандидата биологических наук по специальности 1.5.7 – генетика

Высокая актуальность представленной к защите работы связана, в первую очередь, с изучением очень сложного и большого полного генома одного из основных хвойных лесообразователей Сибири – лиственницы сибирской (*Larix sibirica* Ledeb.), имеющей важное экономическое и экологическое значение. К настоящему времени в мире доступны полные геномы для 11 видов хвойных в семействе Pinaceae и для всего одного вида лиственницы (*L. kaempferi* (Lamb.) Carr.).

Ценность работы также состоит в том, что автором проведена структурная и функциональная аннотация не только ядерного генома, но и пластома и митогенома лиственницы сибирской. На основании разных типов сборок прочтений (PE, MP, гибридная) получено 39370 генных моделей для ядерного генома, из них 77,5% проаннотировано автором; 87% из предсказанных генных моделей лиственницы имеют гомологию с белками *Arabidopsis*; в пластоме идентифицировано 110 генов, а в митогеноме – 74. В целом, идентифицирована и охарактеризована большая часть генов (72%) для лиственницы сибирской.

Сложность работы с большими геномами состоит в наличии повторов, которые могут составлять до 95%. В работе собрана комплексная видоспецифичная библиотека повторов в геномной сборке, которая может являться референсной для поиска мобильных элементов в геномах других хвойных, несмотря на неполную их представленность (около 66%). Исследования предсказания *de novo* сайтов начала транскрипции (TSS) для генома лиственницы, являющиеся пионерными для мегагеномов размером более 10 Гб, смогут применяться в генетической селекции и редактировании генома (QTL анализ). Полученный митогеном лиственницы сибирской, размер которого около 12 Mb, является в настоящее время наибольшим из известных митохондриальных геномов.

В результате полногеномного секвенирования и выбранных самых современных биоинформатических методов анализа и используемых ресурсов для лиственницы сибирской, а также близких видов лиственницы разработан пул из 14 видоспецифичных SSR пар праймеров (с 3-6 – нуклеотидными повторами). Данная разработка позволит вывести на новый уровень популяционно-генетические исследования, лежащие в основе генетической паспортизации и инвентаризации объектов ПЛСБ с участием лиственницы сибирской, а также для определения происхождения ее древесины при незаконных рубках.

Работа написана грамотным научным языком, логично структурирована; результаты исследований опубликованы в высокорейтинговых журналах и доложены на международных конференциях и школах по биоинформатике; применение большого числа разнообразных специальных биоинформатических программ свидетельствует о надежности полученных результатов и сформулированных умозаключений.

Несмотря на представленную неполную рабочую аннотацию ядерного генома лиственницы сибирской (77.5%), данная работа представляет собой амбициозное решение поставленных задач, выполненных на мировом уровне, учитывая текущее состояние геномных аннотаций хвойных растений.

Считаем, что представленная к защите диссертационная работа полностью соответствует «Положению о порядке присуждения ученых степеней», утвержденному Постановлением Правительства Российской Федерации № 842 от 24.09.2013 г. (ред. от 26.10.2023), а соискатель Бондар Евгения Ивановна, несомненно, заслуживает присуждения ученой степени кандидата биологических наук по специальности 1.5.7 – генетика.

Я, Полякова Татьяна Александровна, согласна на включение в аттестационное дело и дальнейшую обработку моих персональных данных, необходимых для процедуры защиты диссертации Е.И. Бондар, 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.

Отзыв подготовила:

Полякова Татьяна Александровна

Кандидат биологических наук (03.02.01 Ботаника), доцент,

Старший научный сотрудник лаборатории популяционной генетики имени академика Ю.П. Алтухова Института общей генетики им. Н.И. Вавилова РАН, 119991, ГСП-1, Москва, ул. Губкина, 1. Телефон 8-925-132-3090

e-mail: tat-polyakova@yandex.ru

«27» февраля 2024 г.



/Полякова Т.А./

Подпись заверяю



уч. секретарь



/Н.Н. Торжева/