

ОТЗЫВ

официального оппонента на диссертацию Новиковой Серафимы Валерьевны «Изучение генетической адаптации в популяциях лиственницы сибирской (*Larix sibirica* Ledeb.) с использованием данных полногеномного генотипирования», представленную на соискание ученой степени кандидата биологических наук по специальности 1.5.7 – генетика (биологические науки).

Диссертационная работа Новиковой С.В. посвящена важной цели: поиску генетических основ адаптации популяций лиственницы сибирской к различным средовым факторам с использованием биоклиматических и дендрофенотипических характеристик. Влияние этих факторов на генотипическую изменчивость в масштабах всего генома у древесных растений, в особенности, у хвойных изучена слабо и данная работа, возможно, является уникальным примером подобного исследования в указанной группе растений. Актуальность работы обусловлена тем, что в условиях меняющегося климата происходят изменения в лесных экосистемах, ключевую роль в которых играют хвойные, поэтому очень важно прогнозировать генетические и экологические последствия, в первую очередь, изменений в составе наиболее распространенных представителей хвойных, к которым относится вид лиственницы сибирской. Новые возможности для генотипирования связаны с полногеномным- ДНК секвенированием. Однако, секвенирование целого генома является пока еще весьма затратным, когда необходимо анализировать большие выборки растений, состоящие из сотен образцов. Чтобы снизить затраты, при наименьшей потере в эффективности, авторы работы применили для своей цели наилучший подход, а именно: метод секвенирования на основе рестрицированной ДНК, позволяющий изолировать фракцию генома, обогащенную кодирующими последовательностями и, в дальнейшем, с помощью баркодирования проводить одновременное секвенирование большого числа образцов. В результате проделанной работы автором получен ряд важных научных результатов, в том числе: 1) выполнено полногеномное генотипирование популяций лиственницы сибирской с использованием метода ddRADseq, включающее 492 дерева из 37 популяций, произрастающих в контрастных климатических и географических условиях; 2) установлена пространственная популяционно-генетическая структура изученных выборок *L. sibirica* и показано разделение выборок как минимум на три группы: уральскую, алтайскую и сибирскую; 3) выявлены локусы, находящиеся под действием отбора, изменчивость которых коррелирует с вариабельностью экологических факторов; 4) выявлены гены-кандидаты, ассоциированные с адаптацией к условиям высокогорья и широтному градиенту, а также ответственные за устойчивость деревьев к повторяющимся климатическим стрессам в условиях юга Сибири, в частности, к засухе. Проведена функциональная аннотация SNP- полиморфизмов в составе возможных генов- кандидатов и установлены потенциальные биологические механизмы адаптации. В целом, работа Новиковой С.В. производит впечатление грамотного исследования с использованием широкого спектра методов, включая: выделение ДНК и подготовку ddRAD библиотек для последующего секвенирования, генотипирование секвенированных образцов, вычисление популяционно-генетических параметров, корреляционный и ассоциативный анализ геномных, географических, биоклиматических и дендрохронологических показателей, а также аннотирование полученных наборов SNP. Выводы достоверны и обоснованны. Новизна результатов не вызывает сомнений, также как их значимость, не только теоретическая, но и практическая, поскольку данная работа закладывает основу для отслеживания адаптивной генетической изменчивости в популяциях лиственницы,

выявления популяций с высоким генетическим потенциалом и осуществления экологического мониторинга, что необходимо для научно обоснованного управления природными ресурсами. Имеется более чем достаточное для кандидатской диссертации количество публикаций (4) с первым авторством, включая 3 статьи в престижных международных журналах. Автореферат оформлен в соответствии с общепринятыми стандартами и соответствует содержанию диссертационной работы.

Ниже представлен обзор диссертации Новиковой С.В. вместе с замечаниями оппонента.

Введение отражает актуальность работы, цели и задачи исследования, научную новизну, теоретическую и практическую значимость работы, основные положения, выносимые на защиту. Замечаний нет.

Обзор Литературы короткий- 23 страницы (обычно для кандидатской ок. 40). Есть возможности для его расширения. В частности, гл 1.1 можно значительно расширить или даже выделить в отдельный раздел с дифференциацией по главам, посвященным: 1. Общему описанию рода *Larix*; 2. Его видовой фенотипической дифференциации; 3) внутривидовой в пределах каждого вида. Фактически представлена только краткая характеристика одного вида. Но дополнительная информация (гл. 2,3) была бы очень полезна для понимания пределов и направлений фенотипической изменчивости, ее связи с конкретными климатическими условиями различных регионов. Для этого недостаточно только описать свой видовой объект, тем более, что разные виды лиственниц не изолированы полностью друг от друга, но из представленного описания остается неясным: какова степень их репродуктивной изоляции и ее механизмы, филогения рода и влияние тех или иных факторов на его эволюцию. Наверняка этому исследованию предшествовали ранние популяционно- генетические и эволюционные работы, которые, на мой взгляд, не отражены в полной мере как основополагающие. Глава 1.1 заканчивается краткой характеристикой генома *L.sibirica*, хотя эту информацию стоило бы расширить до отдельной главы, включающей более подробную информацию о секвенированных геномах внутри рода, степени их покрытия, аннотирования, представленность в них различных, втч повторяющихся последовательностей, какие методы секвенирования были использованы и тд. Глава 1.2 очень абстрактна и лаконична. В чем потенциал адаптации, какие признаки демонстрируют клинальную изменчивость, каковы особенности адаптации хвойных и конкретно лиственницы в сравнении с другими хвойными? Глава 1.3 раскрывает разделы ландшафтной геномики общие для разных групп растений и общие методологические подходы. Однако, не ясно: насколько охвачены именно хвойные этим разделом геномики, в тексте и ссылках не нашел никакого упоминания о них. Глава 1.4 также могла быть более подробной в плане описания различных параметров, связанных с шириной годового кольца и как на эти параметры влияют различные факторы. Только констатация, что есть такие параметры. Глава 1.5 описывает науку- дендрогеномику (что то многовато разных «геномик») и метод GWAS, который можно рассматривать в рамках той же ландшафтной геномики или просто геномики. Лично я бы оставил термин дендрогеномика. Глава 1.6 более логично бы смотрелась после главы, посвященной генотипированию- секвенированию в рамках одного раздела (см. выше). В конце нет заключения по литобзору!

Материалы и методы включают 3 основных блока. 1 блок включает сбор образцов, а также биоклиматических и дендрохронологических данных. Во второй блок входят выделение ДНК, создание ddRADseq библиотек и их секвенирование, обработка результатов секвенирования и генотипирование. К третьему можно отнести комплекс биоинформатических методов, связанных с вычислением основных популяционно- генетических статистик, поиском корреляции между генетическими и эколого-

географическими координатами, между индивидуальной гетерозиготностью и дендрофенотипами, поиском генетических маркеров, находящихся под влиянием отбора, а также связанных с переменными окружающей среды. В этот же блок входит GWAS и функциональная аннотация SNP- маркеров. Замечаний нет.

Результаты и обсуждение. В качестве преамбулы можно было бы еще раз сформулировать цель исследования и перечислить те популяции, которые были взяты в качестве материала, чтобы было понятно, что этот материал достаточен для выполнения поставленной цели. Главу 3.1 считаю лишней, тк в ней нет ничего, кроме нескольких общих фраз и короткой информации по количеству образцов и SNP, которая уже приведена в разделе Материалы и методы.

Заключение и выводы. Замечаний нет.

Тем не менее, указанные замечания несколько не снижают научное значение данной работы и квалификационный уровень ее автора. На основании вышеизложенного можно заключить, что диссертационная работа С.В. Новиковой представляет собой научно-квалификационную работу, полностью соответствующую пп. 9-14 «Положения о порядке присуждения ученых степеней», утвержденного постановлением Правительства РФ № 842 от 24 сентября 2013 года, а ее автор- Новикова Серафима Валерьевна заслуживает присуждения искомой степени кандидата биологических наук по специальности 1.5.7-генетика.

доктор биологических наук, заведующий
лабораторией инновационных средств защиты
растений, ведущий научный сотрудник
Федерального исследовательского центра
«Институт цитологии и генетики Сибирского
отделения Российской академии наук»
(ИЦиГ СО РАН)

Ученый секретарь
ИЦиГ СО РАН, к.б.н.



Щербань

А.Б.Щербань

Орлова

Орлова Г.В.

13.10.2025

Данные оппонента: