

О Т З Ы В

на автореферат Полховской Екатерины Сергеевны «Структурно-транскриптомный анализ генов пшеницы и тритикале, экспрессирующихся в процессе развития зерновки, с помощью нанопорового секвенирования» на соискание ученой степени кандидата биологических наук по специальности 1.5.7. Генетика (биологические науки)

Сегодня одной из наиболее важных и сложных задач для селекционеров пшеницы является не только увеличение урожайности зерна, но и улучшение его качества для производства конечных продуктов питания. В этой связи апробация новых современных методов для идентификации ранее неаннотированных и новых аллелей генов, связанных с признаками качества пшеницы и тритикале, имеет очень важное практическое значение.

Таким образом, актуальность диссертационной работы Полховской Е.С., направленной на характеристику и анализ генов, экспрессирующихся в процессе развития зерновки пшеницы и тритикале, с помощью метода нанопорового секвенирования РНК и кДНК, не вызывает сомнений.

Поставленные задачи и используемые для их решения методические подходы свидетельствуют о глубоком понимании исследуемой проблемы диссертантом. Следует также отметить высокий уровень проведенных исследований. Это позволило автору получить целый ряд новых, интересных результатов.

Так, впервые проведен комплексный транскриптомный анализ с применением секвенирования длинными ридами кДНК и РНК на разных стадиях развития зерновки тритикале. Впервые идентифицированы ранее неаннотированные гены, экспрессирующиеся на разных стадиях развития зерновки тритикале.

Данное исследование имеет большое теоретическое значение, так как идентифицированные ранее неаннотированные гены в последующем могут использоваться для функционального анализа, что позволит глубже изучить молекулярные механизмы развития зерновки. Идентифицированные в исследовании гены могут использоваться для поиска мишеней для MAS и, соответственно, для ускорения отбора целевых генотипов с хорошими хлебопекарными качествами. Полученные в ходе работы результаты демонстрируют потенциал применения технологии секвенирования длинными ридами для анализа генов HMW-GS и оценки их профиля метилирования. Показаны преимущества применения ONT Amplicon-Seq в практической селекции для идентификации и обнаружения известных и новых аллелей целевых генов тритикале и пшеницы.

Сделанные соискателем выводы научно обоснованы и вытекают из полученных результатов. Результаты исследований были представлены на международных и российских конференциях и отражены в 14 печатных

