

ОТЗЫВ

на автореферат диссертации **Хафизовой Галины Васильевны**
«Особенности организации клеточной Т-ДНК у представителей рода
***Nicotiana L.*», представленной на соискание ученой степени кандидата**
биологических наук по специальности 03.02.07 - Генетика

Изучение геномов растений, содержащие последовательности агробактериального происхождения, приобретенные в результате горизонтального переноса без участия человека, в настоящее время вызывает большой интерес у ученых. В лабораторных условиях для получения трансгенных растений широко используется метод агробактериальной трансформации. История изучения природно-трансгенных растений началась с *Nicotiana glauca* Graham. подрода *Tabacum* рода *Nicotiana*. Изучение и сравнительный анализ клТ-ДНК в различных видах этого рода позволит восстановить сценарии появления и распространения Т-ДНК, прояснить эволюционные процессы внутри рода, а также возможную роль Т-ДНК в растениях в целом.

В диссертационной работе Хафизова Галина Васильевна достаточно подробно представила и проанализировала современное состояние исследований по данной теме. На сегодняшний день у 16 видов рода *Nicotiana* найдена клТ-ДНК, для трех – получены полногеномные данные и проведены детальные анализы клТ-ДНК, включающие информацию по составу и количеству копий клТ-ДНК и активности входящих в нее генов. Все изученные подобным образом виды *Nicotiana* относятся к подроду *Tabacum*.

Хафизова Г. В. впервые изучила клТ-ДНК у видов *N. glauca* (сорт 359) и *N. noctiflora* (сорт TW89) подрода *Petunioides* с целью прояснить сценарии появления и распространения клТ-ДНК в подроду *Petunioides* и сравнить их с известными сценариями в подроду *Tabacum*, что поможет приблизиться к пониманию эволюционных событий рода *Nicotiana*.

Для достижения поставленной цели автор применил комплекс современных биотехнологических (культивирование растений *in vitro* и в условиях теплицы в грунте), молекулярно-генетических (выделение нуклеиновых кислот, ПЦР, обратная транскрипция, секвенирование по Сенгеру) и биоинформатических (программы FastQC, MaSuRCA, Minimap, Miniiasm, Last, Blastn и MAFFT) методов.

В результате проделанной работы Хафизовой Г. В. получены и охарактеризованы данные полногеномного анализа *N. glauca* и *N. noctiflora* подрода *Petunioides*. Геном *N. glauca* собран до уровня контигов, уточнена структура клТ-ДНК gT – выявлен ранее не отмеченный в левом плече повтора

гомолог *orf13a*, подтверждено отсутствие иных клТ-ДНК, что свидетельствует об однократной агробактериальной трансформации в истории данного вида, получена полная последовательность гТ. Геном *N. noctiflora* собран до уровня контигов, в геноме найдены две различные по составу клТ-ДНК (NnТ-ДНК1 и NnТ-ДНК2), свидетельствующие о множественных актах трансформации данного вида. В составе клТ-ДНК *N. noctiflora* выявлены интактные гены – *iaaM*, *iaaH*, *acs* в NnТ-ДНК1 и *iaaM*, *acs*, *C* в NnТ-ДНК2, измерены их относительные уровни экспрессии в различных органах растения. Показан высокий уровень экспрессии в корнях, что согласуется с данными по другим природно-трансгенным видам, а также с паттерном экспрессии генов Т-ДНК в бородатых корнях трансформированных растений. Сравнительный анализ последовательностей клТ-ДНК растений восьми сортов *N. tabacum* выявил низкий уровень полиморфизма, при этом у сортов двух сортов (Брянский 91 и Virginia × Verley) обнаружены крупные структурные перестройки в ТА в клТ-ДНК, которые могут быть использованы в качестве филогенетического маркера для паспортизации сортов, а также, что особенно актуально, в эволюционных исследованиях культурного табака. Выводы обоснованы и логично вытекают из проделанной работы.

Таким образом, полученные в диссертационной работе данные могут быть использованы в различных исследованиях, в частности, результаты анализа состава клТ-ДНК *N. noctiflora* и экспрессии ее генов вносят вклад в понимание возможной функции клТ-ДНК для растений, что расширяет наши знания в области горизонтального переноса генов между растениями и бактериями, сравнительный анализ клТ-ДНК у разных видов (сортов) рода *Nicotiana* позволяет прояснить их филогенетические связи и расширить наши знания о распространении трансгенов между представителями рода в ходе видообразования. Кроме того, результаты могут быть использованы для оценки возможных экологических рисков возделывания ГМ культур, для изучения генетического контроля вторичных метаболитов и для исследований в сферах фарминдустрии и биотехнологии, поскольку содержат информацию о путях биосинтеза различных соединений, синтезируемых *N. glauca* и *N. noctiflora*, а также при подготовке лекций для студентов профильных специальностей и при написании научно-популярных материалов.

В связи с выше сказанным, диссертационная работа Хафизовой Галины Васильевны, посвященная изучению структурно-функциональной организации клеточной Т-ДНК у представителей рода *Nicotiana*, является актуальной и перспективной как с научной, так и с практической точек зрения.

Материалы исследований достаточно апробированы, отражены в научной печати и соответствуют уровню мировых достижений.

Диссертационная работа Хафизовой Галины Васильевны соответствует требованиям, представленным в «Положении о присуждении ученых степеней» (утверждено постановлением правительства РФ от 24 сентября 2013 года № 842), а ее автор заслуживает присуждения искомой степени кандидата биологических наук по специальности 03.02.07 – Генетика.

Кандидат биологических наук
(03.0015 - Генетика), доцент
кафедры генетики, разведения
и биотехнологии животных
ФГБОУ ВО СПбГАУ

Позднякова
Татьяна Эрастовна

Подпись Т.Э. Поздняковой заверяю:

Проректор по научной
и инновационной работе,
кандидат ветеринарных наук



Колесников
Роман Олегович

04.07.2022

Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования «Санкт-Петербургский государственный аграрный университет» (ФГБОУ ВО СПбГАУ)

196601, Санкт-Петербург, город Пушкин, Петербургское шоссе, д. 2, лит. А

Тел/факс (812) 470-04-22

E-mail: agro@spbgau.ru