

ЗАКЛЮЧЕНИЕ ДИССЕРТАЦИОННОГО СОВЕТА Д 006.041.02,
СОЗДАННОГО НА БАЗЕ ФЕДЕРАЛЬНОГО ГОСУДАРСТВЕННОГО
БЮДЖЕТНОГО НАУЧНОГО УЧРЕЖДЕНИЯ «ФЕДЕРАЛЬНЫЙ
ИССЛЕДОВАТЕЛЬСКИЙ ЦЕНТР ВСЕРОССИЙСКИЙ ИНСТИТУТ
ГЕНЕТИЧЕСКИХ РЕСУРСОВ РАСТЕНИЙ имени Н.И. ВАВИЛОВА» (ВИР)
МИНИСТЕРСТВА НАУКИ И ВЫСШЕГО ОБРАЗОВАНИЯ РОССИЙСКОЙ
ФЕДЕРАЦИИ, ПО ДИССЕРТАЦИИ НА СОИСКАНИЕ УЧЕНОЙ СТЕПЕНИ
КАНДИДАТА НАУК

аттестационное дело № _____

решение диссертационного совета от 6 сентября 2022 г. № 9
о присуждении **Хафизовой Галине Васильевне**, гражданке Российской
Федерации, ученой степени кандидата биологических наук.

Диссертация «Особенности организации клеточной Т-ДНК у представителей рода *Nicotiana* L.», представленной на соискание ученой степени кандидата биологических наук по специальности: 03.02.07 – Генетика» принята к защите 1 июня 2022 года, протокол № 4, диссертационным советом Д 006.041.02 на базе Федерального государственного бюджетного научного учреждения «Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова» (ВИР) Министерства науки и высшего образования Российской Федерации (190031, Санкт-Петербург, ул. Большая Морская, д. 42, 44), приказ о создании №718/нк от 21 июня 2016 г.

Соискатель **Хафизова Галина Васильевна**, 7 апреля 1991 года рождения, в 2017 г. освоила с отличием основную образовательную программу высшего образования «Биология» Федерального государственного бюджетного образовательного учреждения высшего образования «Санкт-Петербургский государственный университет» (СПбГУ) с присвоением квалификации «Магистр». В 2021 г. окончила аспирантуру СПбГУ по направлению подготовки 06.06.01 «Биологические науки» по образовательной программе «Клеточная и молекулярная биология». Справка о сдаче кандидатских экзаменов выдана СПбГУ 1 июля 2021 г.

Диссертация выполнена в 2017-2021 гг. на кафедре генетики и биотехнологии СПбГУ, в период подготовки диссертации **Хафизова Г.В.** работала на кафедре в должности инженера-исследователя. В настоящее время **Хафизова Г.В.** работает в отделе генетических ресурсов масличных и прядильных культур ВИР в должности младшего научного сотрудника.

Научный руководитель – доктор биологических наук **Матвеева Татьяна Валерьевна**, профессор кафедры генетики и биотехнологии СПбГУ.

Официальные оппоненты:

- доктор биологических наук **Проворов Николай Александрович**, директор Федерального государственного бюджетного научного учреждения «Всероссийский научно-исследовательский институт сельскохозяйственной микробиологии»;

- кандидат биологических наук **Баранова Ольга Александровна**, ведущий научный сотрудник лаборатории иммунитета растений к болезням Федерального государственного бюджетного научного учреждения «Всероссийский научно-исследовательский институт защиты растений».

Ведущая организация - Федеральное государственное бюджетное учреждение науки «Институт общей генетики имени Н.И. Вавилова Российской академии наук» (ИОГен РАН) (Москва), в своем положительном отзыве, подписанном кандидатом биологических наук, доцентом **Брускиным Сергеем Александровичем**, заведующим лабораторией функциональной геномики, и утвержденном доктором биологических наук, членом-корреспондентом РАН **Кудрявцевым Александром Михайловичем**, директором ИОГен РАН, указала, что работа **Хафизовой Галины Васильевны** отвечает требованиям пункта 9 «Положения о присуждении ученых степеней», утвержденного постановлением Правительства Российской Федерации от 24 сентября 2013 г. №842, предъявляемым к кандидатским диссертациям, а ее автор заслуживает присуждения ученой степени кандидата биологических наук по специальности 03.02.07 – «Генетика».

Соискатель имеет 15 опубликованных работ, из них 8 по теме диссертации, общим объемом 2,9 п.л., в том числе 3 в научных изданиях,

которые рекомендованы ВАК и одновременно индексируются в международной базе Web of Science, 2 в других журналах, 3 в сборниках тезисов или материалов международных конференций. В диссертации отсутствуют недостоверные сведения об опубликованных соискателем ученой степени работах. В публикациях изложены результаты исследований, выполненных при непосредственном участии автора.

Наиболее значительные научные работы по теме диссертации:

1. Galina Khafizova. *Nicotiana glauca* whole-genome investigation for cT-DNA study / Galina Khafizova, Pavel Dobrynin, Dmitrii Polev and Tatiana Matveeva // BMC Research Notes. 2018. V. 11. No. 18. P. 1. doi.org/10.1186/s13104-018-3127-x

2. Хафизова Г.В. Полиморфизм последовательностей ДНК агробактериального происхождения в сортах *Nicotiana tabacum* / Хафизова Г.В., Матвеева Т.В. // Генетика. 2020. Т. 56. No. 10. С. 1269. doi.org/10.31857/S0016675820100057

3. Khafizova G. Study of sequences in *Nicotiana* genomes acquired from *Agrobacterium* by horizontal gene transfer / Khafizova G. // Biology and Medicine. 2016. V. 8. No. 6. P. 40. doi.org/10.4172/0974-8369.C1.00

На диссертацию и автореферат поступило 10 отзывов, их прислали:

- к.б.н., ст.н.с. **Андреева Елена Александровна**, ст.н.с. лаборатории генетики и биотехнологии растений Санкт-Петербургского филиала Института общей генетики им. Н.И. Вавилова РАН;

- к.б.н. **Воронова Ольга Николаевна**, ст.н.с. лаб. эмбриологии и репродуктивной биологии Ботанического института им. В.Л. Комарова РАН;

- к.б.н. **Ганчева Мария Семеновна**, н.с. лаб. №8 (технологии микробных препаратов) ВНИИ сельскохозяйственной микробиологии;

- д.б.н. **Гультяева Елена Ивановна**, в.н.с. лаб. микологии и фитопатологии ВНИИ защиты растений;

- к.б.н. **Гучетль Саида Заурбиевна**, зав. лаб. молекулярно-генетических исследований отдела биологических исследований Федерального научного центра ВНИИ масличных культур им. В.С. Пустовойта;

- к.б.н. **Макаренко Максим Станиславович**, н.с. лаб. №19 (геномики растений) Института проблем передачи информации им. А.А. Харкевича;
- к.б.н. **Позднякова Татьяна Эрастовна**, доцент кафедры генетики, разведения и биотехнологии животных Санкт-Петербургского государственного аграрного университета;
- к.б.н. **Рущина Елена Александровна**, доцент каф. ботаники и экологии Российского государственного педагогического университета им. А.И. Герцена;
- к.б.н. **Сокорнова Софья Валерьевна**, в.н.с. лаб. фитотоксикологии и биотехнологии ВНИИ защиты растений;
- д.б.н., профессор **Терлецкий Валерий Павлович**, в.н.с. лаб. молекулярной генетики ВНИИ генетики и разведения сельскохозяйственных животных – филиала Федерального исследовательского центра животноводства – ВИЖ им. академика Л.К. Эрнста.

Все отзывы положительные. В них указано, что автореферат диссертации отвечает требованиям ВАК, а ее автор достоин присуждения ученой степени кандидата биологических наук по специальности 03.02.07 – «Генетика». Есть замечания и вопросы.

Ганчева М.С. спрашивает: сборки *N. glauca* и *N. noctiflora* осуществлялись до уровня контигов или скэффолдов? В работе упоминаются оба варианта. Использовались ли данные транскриптома *N. noctiflora* из общего доступа? Благодаря собранному автором геному, можно было бы уточнить данные, полученные при секвенировании транскриптома *N. noctiflora* и все же обнаружить экспрессию генов клТ-ДНК. Был ли проведен поиск ближайших гомологов среди агробактериальных генов для генов клТ-ДНК *N. glauca*? Гены клТ-ДНК *N. glauca* сохранили открытые рамки считывания? Измерялась ли их экспрессия?

Сокорнова С.Ф. задает вопрос: почему в работе не изучали экспрессию генов в кл-Т-ДНК вида *N. glauca* ?

Макаренко М.С. считает, что в случае *N. noctiflora* нет результатов сборки в банке данных NCBI, а также использован только одного геномного ассемблера для коротких чтений (MaSuRCA). Возможно, были предприняты

попытки сборки с помощью другого программного обеспечения, но они оказались хуже? Следовало упомянуть наличие чтений Oxford Nanopore, предоставленных коллегами, непосредственно в материалах и методах исследования. В главе указан геномный сборщик *miniasm 0.3*, который не подходит для коротких *pair-end*, *mate-pair* чтений и необходимость его использования становится понятной только после прочтения главы о сборке генома *N. noctiflora*.

Терлецкий В.П. отмечает, что использование только данного маркера для проведения филогенетического анализа, безусловно, недостаточно.

Андреева Е.А., Воронова О.Н. делают замечание по использованию аббревиатур и корректности формулировок, **Гучетль С.З.** отмечает небольшие орфографические ошибки в тексте автореферата.

Выбор официальных оппонентов и ведущей организации обоснован их компетентностью в теме исследования и сделан с их согласия.

Диссертационный совет отмечает, что на основании выполненных соискателем исследований:

- **впервые получены** данные полногеномного анализа для видов *Nicotiana glauca* и *Nicotiana noctiflora*;
- **выявлены** новые, не описанные ранее клеточные Т-ДНК – NnT-DNA1 и NnT-DNA2 – в геноме *N. noctiflora*, уточнена структура единственной клТ-ДНК gT у *N. glauca* и определен состав клТ-ДНК у *N. noctiflora*;
- **изучен** паттерн экспрессии генов *iaaM*, *iaaH*, *acs* в листьях, стеблях и корнях природно-трансгенного вида *N. noctiflora*; построены гипотезы, объясняющие формирование данного паттерна экспрессии генов клТ-ДНК;
- **предложены** сценарии приобретения клеточной Т-ДНК представителями подрода *Petunioides* на примере *N. glauca* и *N. noctiflora*;
- **показан** низкий уровень полиморфизма ДНК у сортов табака (вид *N. tabacum*) Турецкий, Ориенталь, Virginia × Berley, Брянский 91, Suifu, Black Indian, Vuelta abajo, Havana 307, а также у сортов K326, TN90 и Basma/Xanthi;

Теоретическая значимость исследования обоснована тем, что:

- в отсеквенированных геномах *N. glauca* и *N. noctiflora*, выявлены и детально охарактеризованы три различные клеточные Т-ДНК. Это свидетельствует о трех независимых актах трансформации предковых форм изучаемых видов в ходе эволюции, а экспрессия полученных от агробактерий генов подтверждает идею об их эволюционной роли;
- применительно к проблематике диссертации результативно (эффективно, то есть с получением обладающих новизной результатов) **использованы** современные молекулярно-генетические, биоинформатические методы, а также методы культивирования растений *in vitro*.

Значение полученных соискателем результатов исследования для практики подтверждается тем, что:

- **определена** структура геномов двух видов рода *Nicotiana*. Сиквенсы геномов могут быть использованы в генетике, геномной селекции, метаболической инженерии,
- **определена** возможность разработки на основе структурных различий в клТ-ДНК ТА молекулярных маркеров для паспортизации сортов *N. tabacum*.

Оценка достоверности результатов исследования выявила, что

- **теоретические** предпосылки работы построены на известных, проверяемых данных и согласуются с опубликованными автором и другими исследователями экспериментальными данными по теме диссертации;
- **идея** диссертации базируется на результатах анализа клеточных Т-ДНК представителей подрода *Tabacum*, ранее полученных другими исследователями методом полногеномного секвенирования, и необходимости получения подобного рода данных по представителям подрода *Petunioides* для прояснения эволюционных событий рода *Nicotiana*;
- **установлено** качественное совпадение авторских результатов с данными, представленными в независимых источниках, в частности, паттерн экспрессии генов в составе клТ-ДНК *N. noctiflora* совпадает с ранее описанным иными исследователями паттерном экспрессии генов в составе клТ-ДНК *N. glauca*.

Личный вклад соискателя состоит в непосредственном участии в получении исходных данных, последующей обработке и интерпретации

