

## Отзыв

на автореферат диссертации Старыгиной Ксении Владимировны на тему: «Регуляция тканеспецифической экспрессии генов биосинтеза флавоноидов у трибы *Triticeae*» представленной на соискание ученой степени кандидата биологических наук по специальности 03.02.07 – «Генетика»

Запрограммированное осуществление биологических процессов осуществляется под контролем генетических систем, в которых с высокой точностью определена заданная пространственная и временная экспрессия генов. Регуляция экспрессии генов – важный аспект в жизни всех организмов. Генетическая регуляция экспрессии генов происходит с помощью сложного механизма, контролируемого факторами транскрипции. Флавоноиды представляют разнородную группу вторичных растительных метаболитов. Различные флавоноидные соединения играют важную роль при регуляции роста и развития растений и их защите от абиотических и биотических факторов стресса. Система генов биосинтеза флавоноидов является удобной моделью для изучения особенностей эволюции, организации и регуляции транскрипции генов, поскольку изменение на генном уровне можно учитывать на уровне фенотипа по изменению окраски. У таких важных зерновых культур, как ячмень и пшеница мягкая последовательности многих ключевых генов пути биосинтеза флавоноидов определены, для некоторых из них идентифицированы паралогичные и гомеологичные копии. Однако механизмы регуляции тканеспецифической экспрессии данных копий генов до сих пор слабо исследованы. Наименее изученными в этом плане остаются регуляторные гены, кодирующие транскрипционные факторы типа Мус (*bHLH*), Муб и *WD40* (образующие регуляторный комплекс Муб + *bHLH* + *WD40* (*MBW*) с одной стороны, и эпигенетические механизмы регуляции экспрессии генов данного пути, с другой стороны. Целью работы является установление роли дублированных копий регуляторных и структурных генов биосинтеза флавоноидов в тканеспецифичной регуляции синтеза этих соединений у видов трибы *Triticeae*.

Для решения поставленных задач Старыгиной К. В. были использованы современные методы молекулярной генетики: *in silico* поиск и анализ нуклеотидных последовательностей и конструирование праймеров для ПЦР; выделение РНК и ДНК растений; обратная транскрипция; ПЦР и количественная ПЦР; молекулярно-генетическое картирование и идентификация генов.

В ходе данной работы были идентифицированы высоко гомологичные последовательности регуляторных генов биосинтеза флавоноидов *R2R3-Myb* (3 копии для ячменя, 8 копий для пшеницы), *bHLH-Myc* (2 копии для ячменя, 11 копий для пшеницы) и *WD40* (2 копии для ячменя, 5 копий для пшеницы), получены новые данные об особенностях регуляции тканеспецифической экспрессии генов биосинтеза флавоноидов. Среди представителей семейств *R2R3-Myb*, *bHLH-Myc* и *WD40* у видов трибы *Triticeae* были идентифицированы гены-кандидаты, предположительно вовлеченные в регуляцию синтеза флавоноидов, при этом представители семейства *WD40*, регулирующие биосинтез флавоноидов, в данной трибе были описаны впервые. Ксенией Владимировной были продемонстрированы их филогенетические взаимоотношения, а также оценены скорости эволюции представителей данных семейств генов.

Впервые диссертантом был найден Мус-кодирующий ген, предположительно являющийся фактором, определяющим антоциановую окраску coleoptile мягкой пшеницы – *TaMyc-B1*. Впервые было показано, что функциональный аллель Мус-кодирующего гена *HvMyc2* ячменя, является ключевым регулятором синтеза антоцианов в алейроновом слое ячменя. Была предложена роль гена *HvMyc1-H3* как Муб-кодирующего сорегулятора гена *HvMyc2*, запускающего тканеспецифический биосинтез антоцианов. В результате настоящего исследования были получены новые знания о роли факторов транскрипции и паттерна метилирования ДНК промоторов регуляторных и структурных

генов в регуляции экспрессии генов биосинтеза флавоноидов. Были разработаны CAPS-маркеры к ранее неаннотированным генам *HvMpc1-H2* и *HvMyc2* ячменя, с помощью которых удалось точно нанести данные последовательности на молекулярную карту. Данные маркеры могут быть эффективно использованы в практической селекции для маркер-контролируемого отбора генотипов ячменя при создании сортов с высоким содержанием антоцианов в зерне, обладающих повышенной диетической ценностью.

Жаль, что автором в разделе «Материал и методы» не указаны использованные в работе сорта и виды пшениц и эгилопса и результаты, полученные при изучении эволюции генов MBW –комплекса у представителей трибы *Triticeae* не вошли в выводы данной работы. Однако это не влияет на оценку проведенных исследований.

По материалам диссертации автором опубликовано 15 работ, из них 3 статьи в рецензируемых журналах, входящих в список ВАК. Анализ представленных результатов свидетельствует о кропотливом труде диссертанта. Диссертация носит законченный характер, а выводы автора убедительны.

Считаем, что автореферат диссертационной работы Старыгиной Ксении Владимировны соответствует требованиям ВАК, диссертационная работа заслуживает высокой оценки и ее автор присуждения искомой степени кандидата биологических наук по специальности 03.02.07 – «Генетика»

11.05.2018

Доктор биологических наук,  
доцент, главный научный сотрудник,  
заведующий отделом генетических  
ресурсов овса, ржи, ячменя ВИР  
i.loskutov@vir.nw.ru

Лоскутов Игорь Градиславович

Кандидат биологических наук,  
ведущий научный сотрудник,  
отдела генетических ресурсов  
овса, ржи, ячменя ВИР  
o.kovaleva@vir.nw.ru

Ковалева Ольга Николаевна

Федеральное государственное бюджетное научное учреждение  
«Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов  
растений имени Н.И. Вавилова (ВИР)»  
190000, С-Петербург, ул. Большая Морская, 42,44  
Раб. тел. (812) 571-93-88

Подпись Ковалевой О.Н. заверяю:  
кандидат биологических наук,  
Ученый секретарь ВИР



Ухатова Юлия Васильевна