

ОТЗЫВ

на автореферат диссертации Кручининой Юлии Владимировны на тему:
«Генетический анализ архитектуры колоса пшениц и его компьютерное фенотипирование»,
представленной на соискание ученой степени кандидата биологических наук по специальности
1.5.7 – Генетика (биологические науки)

Современная генетика культурных растений, в том числе пшеницы, имеет решающее значение для всестороннего изучения и эффективного использования их биоразнообразия. Генетическое разнообразие растений важно для сельского хозяйства, поскольку при одомашнивании наблюдается его обеднение. Поэтому рациональное сохранение генофондов имеет важное значение. Исследования, определяющие аутентичность образцов и видов пшеницы, становятся все более актуальными для генетики, ботаники и селекции. Для создания естественных классификаций необходимо полностью описать все существующие таксоны и обобщить информацию в общедоступных цифровых коллекциях. Естественная классификация каждого конкретного рода хозяйственно значимых растений, в том числе пшеницы, должна отражать их видовую и внутривидовую структуру. Автоматизация оценки фенотипирования колоса пшеницы с использованием технологий анализа цифровых изображений и алгоритмов машинного обучения может повысить эффективность. Цифровые коллекции также обладают преимуществом снижения материальных затрат и предоставления свободного доступа к труднодоступным коллекциям с редким растительным материалом.

Исследование Ю.В. Кручининой посвящено изучению полиморфизма и наследования видоспецифичных признаков у видов пшеницы, включая гексаплоидные, тетраплоидные и диплоидные образцы. Создана цифровая коллекция колосьев видов пшеницы всех уровней плоидности, не имеющая аналогов в мире. Цифровая коллекция колосьев пшеницы отражает изменчивость рода *Triticum* L. по архитектонике колоса, что является основой цифрового классификатора, позволяющего с высокой вероятностью проводить фенотипирование растений пшеницы по уровню плоидности и видовой принадлежности. Для идентификации реперных (типовых) видов пшеницы с целью расширения базы данных использовался моногенный характер наследования видоспецифичных признаков, таких как спельтоидность, безостость, удлинённая колосковая чешуя, тетраостость, тип зубца на колосковой чешуе, плечо на колосковой чешуе, опушение колосковой чешуи, ветвистоколосость. Цифровая коллекция с использованием методов биоинформатики и нейронных сетей позволяет эффективно разделять образцы пшеницы по уровням плоидности и секциям рода *Triticum* L. Работа выполнена на обширном и разнообразном растительном материале с использованием как классических методов генетики (гибридологический и статистический анализ), так и современных подходов (молекулярное генотипирование, цифровое фенотипирование, применение нейросетей).

Работа Ю.В. Кручининой является завершённым и полноценным научным исследованием. Все вынесенные на защиту автором положения подтверждаются полученными результатами и не вызывают сомнений. Диссертация соответствует требованиям, предъявляемым к кандидатским диссертациям, а её автор заслуживает присуждения учёной степени кандидата биологических наук по специальности 1.5.7 – Генетика (биологические науки).

Крупин Павел Юрьевич, кандидат биологических наук

Федеральное государственное бюджетное учреждение Всероссийский научно-исследовательский институт сельскохозяйственной биотехнологии, заведующий лабораторией генетических технологий и молекулярного сопровождения селекции зерновых и зернобобовых культур

127550 Москва, Тимирязевская улица, 42

+7 (499) 976-65-44

iab@iab.ac.ru

30 сентября 2024 года

Подпись
Ивановский



Кручинина Ю.В. завершено
Суровых М.В.