

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

Всестороннее генетическое и филогенетическое изучение, расширение и эффективное использование их биоразнообразия является одним из важнейших направлений современной генетики культурных растений, в том числе и пшеницы (род *Triticum* L.). Исследования, посвящённые определению аутентичности образцов и видов пшениц для сохранения и последующего эффективного использования в генетике, ботанике и селекции, становятся в настоящее время весьма актуальными.

У видов пшениц таксономически значимыми являются признаки морфологии колоса, определяющие его архитектуру (Дорофеев, 1985). Оценка колоса пшениц в современных исследованиях выполняется экспертом на основе визуального анализа огромного количества растений и требует существенных затрат времени. Поэтому автоматизация этого процесса является актуальной для ботаники, генетики и селекции. Реализация технологий анализа цифровых изображений, создание баз данных для организации хранения информации и её последующего анализа при помощи алгоритмов машинного обучения в совокупности, позволит повысить эффективность фенотипирования колосьев. Свободный доступ к оцифрованным коллекциям (базам данных) позволит актуализировать знания о таксономии, систематике растений и определить аутентичность хранящихся в них образцов.

Диссертационная работа Кручининой Ю.В. изложена на 154 страницах, содержит 24 рисунка и 25 таблиц. Список цитируемой литературы включает 136 источников литературы.

Научная новизна исследований заключается в том, что впервые изучен полиморфизм и наследование видоспецифических признаков одновременно на всех уровнях пloidности у гекса-, тетра- и диплоидных пшениц. Установлены базисные признаки для автоматического разделения с использованием нейронных сетей. Впервые создана цифровая коллекция колосьев видов пшениц всех уровней пloidности, не имеющая аналогов в мире, проведено её аннотирование. С помощью созданной цифровой коллекции с использованием биоинформационных методов и нейронных сетей показана возможность эффективного разделения образцов пшеницы по уровням пloidности и секциям рода *Triticum* L.

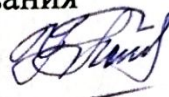
Теоретическая и практическая значимость состоит в том, что проведенный анализ наследования видоспецифических (таксономически значимых) морфологических признаков колоса у растений разных видов пшеницы позволит определить наиболее значимые классификационные признаки на всех уровнях пloidности рода *Triticum* L. и предложить их использование для автоматического разделения видов. С использованием

созданной цифровой коллекции видов пшениц показана возможность автоматизированного установления видов пшеницы с помощью биоинформационных методов, нейронных сетей и машинного обучения, что является необходимым для высокопроизводительного фенотипирования. Сведения о наследовании и проявлении морфометрических характеристик колоса могут быть использованы в селекционной работе и генетических исследованиях в интрогрессивной селекции культуры.

Свободный доступ к оцифрованным коллекциям позволит актуализировать знания о таксономии, систематике растений и определить аутентичность хранящихся в них образцов.

Материалы диссертации достаточно полно апробированы. Основные результаты исследований представлены в семи научных публикациях, три из которых опубликованы в зарубежных журналах категории Q1, входящих в международные базы цитирования (WoS, Scopus), а также в материалах пятимеждународных и российских научных конференций.

Доктор с.-х. наук, профессор,
профессор кафедры экологии, природопользования
и биологии ФГБОУ ВО Омский ГАУ



Н.А. Поползухина

19.09.2024 г.

