

ОТЗЫВ НА АВТОРЕФЕРАТ
диссертации Антонец (Старчевской) Марии Евгеньевны
«Идентификация и сравнительный анализ генетических последовательностей вирусов на
основе геномных и транскриптомных данных колорадского жука (*Leptinotarsa
decemlineata*)», представляемой на соискание ученой степени кандидата биологических наук
по специальности: математическая биология, биоинформатика
(биологические науки) - 1.5.8

Колорадский жук (*Leptinotarsa decemlineata*) является одним из наиболее опасных вредителей картофеля, вызывающий значительные экономические потери. При этом его виром до настоящего времени оставался практически неизученным. В связи с этим настоящее исследование является актуальным как в фундаментальном плане, так и в прикладном аспекте — оно открывает перспективы для разработки инновационных методов биологической защиты сельскохозяйственных культур.

В данной работе проведены метагеномные исследования данных, полученных с помощью высокопроизводительных методов секвенирования образцов колорадского жука, с целью выявления вирусного генетического материала. Полученные результаты обладают высокой научной новизной. Среди основных достижений следует отметить следующие. Разработан оригинальный программный конвейер для анализа вирусного генетического материала, который доступен на GitHub. В геномных образцах колорадского жука обнаружены фрагменты вирусных последовательностей, принадлежащих к 32 различным вирусным семействам, включая вирусы насекомых, браковирсы, вирусы растений и эндогенные ретровирусные элементы. В результате метагеномного секвенирования биологического материала, выделенного из предкулолок колорадского жука, погибших от неизвестной инфекции, впервые были обнаружены вирусы насекомых, поражающие колорадского жука. Были собраны практически полногеномные последовательности двух вирусов – *Leptinotarsa iflavirus 1* (OR613011) и *Leptinotarsa solinvi-like virus 1* (OR613010) и высказан гипотеза о том, что вирус *Leptinotarsa iflavirus 1* может быть связан с летальной инфекцией колорадского жука.

Достоверность результатов подтверждается репрезентативной выборкой данных, использованием независимых методов анализа, депонированием последовательностей в международную базу данных NCBI GenBank. Работа прошла апробацию на конференциях и опубликована в высокорейтинговых журналах (*Viruses* и *Scientific Reports*).

На основании автореферата можно заключить, что диссертация представляет собой качественно выполненную работу. Исследование имеет высокую актуальность,

