

УТВЕРЖДАЮ:

Директор Федерального государственного  
бюджетного научного учреждения

«Всероссийский научно-исследовательский  
институт селекции плодовых культур»,

доктор с.-х. наук

Сергей Дмитриевич Князев

«27» апреля 2016 г.



### ОТЗЫВ

ведущей организации Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Всероссийский научно-исследовательский институт селекции плодовых культур» на диссертационную работу Савельевой Екатерины Николаевны на тему: «Изучение генетического разнообразия рода *Malus Mill.* (яблоня) с помощью ДНК-маркеров», представленную на соискание ученой степени кандидата биологических наук по специальности 03.02.07 - генетика

#### Актуальность исследования

Диссертационная работа Савельевой Екатерины Николаевны посвящена изучению генетического разнообразия образцов рода *Malus Mill.* (яблоня) отечественных коллекций при помощи различных методов молекулярного маркирования. Род *Malus* представляет собой непростую комбинацию видов, межвидовых гибридов, различных форм. Это вызвано тем, что виды яблони легко скрещиваются между собой. Поэтому классификация рода в целом значительно затруднена. В настоящее время повсеместно применяются различные виды молекулярно-генетического анализа для изучения филогении яблони, а также решения спорных вопросов систематики рода. Однако на российских коллекциях яблони подобные исследования проводились в незначительном количестве. Таким образом, работа Савельевой Е. Н. по изуче-

нию генетического разнообразия рода *Malus* российских коллекций при помощи ДНК-маркеров является актуальной. Результаты исследования играют большую роль не только в уточнении филогенетических связей внутри рода, но и несут практическую значимость для маркер-опосредованной селекции в создании рекомендаций по выявлению и использованию новых источников ценных генов устойчивости яблони к заболеваниям.

### **Значимость полученных автором диссертации результатов для развития науки**

В работе впервые при помощи различных высокоинформативных методов молекулярного маркирования проанализированы образцы рода *Malus* российских коллекций, в том числе сорта народной селекции Антоновки. Также в ходе работы впервые были секвенированы и проанализированы последовательности района транскрибируемого спейсера ITS1 и гена 5.8S рРНК у образцов рода *Malus* отечественных коллекций. Впервые был проведен анализ генетической variability последовательностей семейства NBS-LRR генов резистентности у различных видов и сортов яблони домашней рода *Malus* из отечественных коллекций. Работа значительно дополняет собой обширно развивающееся направление в области изучения генетического разнообразия рода *Malus*. Полученные в результате работы данные могут быть использованы для решения проблем систематики и уточнения вопросов филогении и таксономии видов рода. Сорта народной селекции Антоновки могут послужить новыми источниками хозяйственно-ценных признаков.

### **Структура диссертационной работы**

Диссертационная работа Савельевой Е. Н. объемом 142 страницы, содержит 6 таблиц и 18 рисунков, построена в полном соответствии с рекомендованной структурой кандидатских диссертационных работ. Она состоит из введения, обзора литературы, описания использованных в работе материалов и методов, результатов и их обсуждения, заключения, выводов, списка использованных сокращений и списка цитированной использованной литературы, включающего 267 ссылок.

### **Характеристика диссертации**

Во Введении обоснована актуальность темы диссертации, степень разработанности темы исследования, ее новизна и практическая значимость, сформулированы цель и задачи исследования, приведены положения, выносимые на защиту, описан личный вклад автора в работу.

Глава 1 «Обзор литературы» состоит из четырех основных частей. В данной главе дано общее представление о роде *Malus*, описаны его биологические особенности, затронуты вопросы систематики и филогении, происхождения яблони. Также Глава 1 включает в себя подробное описание методов молекулярно-генетического анализа, основные преимущества и недостатки каждого метода, применение различных методов молекулярного анализа для исследования генетического разнообразия различных растений. Кроме того, описано современное состояние молекулярно-генетических исследований рода *Malus*. Таким образом, литературный обзор настоящей работы изложен последовательно, затронутые вопросы имеют непосредственное отношение к проблематике диссертационного исследования и достаточно полно описывают современное состояние объекта.

Глава 2 «Материалы и методы» содержит описание собранной коллекции образцов рода *Malus* описание методики выделения ДНК образцов, перечисление и подробное описание использованных методов молекулярно-генетического анализа рода, а также методов статистической обработки полученных данных. Работа характеризуется достаточным объемом выборки образцов (133 образца, включая виды, гибридные виды, сорта яблони домашней, сорта народной селекции Антоновки). Материал изложен достаточно четко и дает подробное представление об использованных подходах.

Глава 3 «Результаты и обсуждения» состоит из пяти разделов. Первые четыре раздела посвящены изучению коллекции образцов яблони различными методами молекулярно-генетического анализа - ITS-анализ, AFLP, S-SAP и NBS-профайлинг. Последний раздел включает в себя обсуждение результатов. Показано, что использованные в работе ДНК-маркеры оказались эффективными для анализа генетического разнообразия в роде *Malus*. Установлено, что наиболее полиморфными являются S-SAP и AFLP маркеры, наименее - секвенированные последовательности района ITS1-5,8S рибосомного

оперона. Одним из основных результатов является то, что при анализе генетического разнообразия с помощью различных ДНК-маркеров род в целом распадался на четыре группы истинных видов, что соответствовало традиционной ботанической систематике, основанной на морфологических и эколого-географических критериях. В ходе исследования было подтверждено гибридное происхождение ряда видов. Достоверно показано, что сорта народной селекции Антоновки достоверно относятся к виду яблоня домашняя *M. domestica*, секция *Malus*. По результатам NBS-профайлинга Антоновки рекомендованы в качестве ценного генетического материала при создании новых более устойчивых сортов яблони. Еще одним интересным результатом является определение видовой принадлежности формы яблони Якутская, она достоверно относится к виду *M. baccata*, а не *M. domestica*.

Выводы, сделанные автором, хорошо аргументированы и соответствуют поставленным задачам. Результаты исследований рекомендуется использовать в молекулярно-генетических лабораториях научно-исследовательских учреждений, а также в высших учебных заведениях биологического профиля.

Однако к диссертационной работе Савельевой Е. Н. имеются некоторые **замечания**: так, при обсуждении полученных данных в результате AFLP-анализа не был проведен кластерный анализ, хотя это было сделано для результатов по S-SAP маркированию яблони. Кластерный анализ по данным AFLP-анализа позволил бы точнее представить взаимоотношения внутри рода *Malus*. Имеются некоторые опечатки (стр. 29, 30, 110). Отметим, что данные замечания не носят принципиального характера и не снижают очевидных достоинств данного исследования.

### **Заключение**

Материал диссертации, а также основные результаты были доложены и обсуждены на трех научных конференциях, из них две международные. По теме диссертации опубликовано две статьи в журнале «Генетика», рекомендованным ВАК в Перечне российских рецензируемых научных журналов, в которых должны быть опубликованы основные результаты диссертаций на соискание ученой степени кандидата наук.

Работа написана хорошим литературным языком.

Автореферат полностью отражает материалы диссертации.

Таким образом, диссертационная работа Савельевой Екатерины Николаевны «Изучение генетического разнообразия рода *Malus Mill.* (яблоня) с помощью ДНК-маркеров» является полной законченной и оригинальной работой. Научное и практическое значение работы не вызывает сомнений.

Диссертационная работа Савельевой Екатерины Николаевны соответствует критериям, установленным «Положением о присуждении ученых степеней» (утверждено Постановлением Правительства РФ от 24.09.2013 г. № 842), а сам диссертант заслуживает присуждения искомой степени кандидата биологических наук по специальности 03.02.07 - Генетика.

Отзыв рассмотрен и утвержден на заседании ученого Совета Федерального государственного бюджетного научного учреждения «Всероссийский научно-исследовательский институт селекции плодовых культур», протокол № 9 от «27» апреля 2016 г.

Седов Евгений Николаевич,  
доктор сельскохозяйственных наук,  
профессор, академик РАН,  
заведующий лабораторией селекции яблони

  
подпись

Подпись Е. Н. Седова заверяю:

Ученый секретарь

М.П.



Цой Михаил Флоридович

Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Всероссийский научно-исследовательский институт селекции плодовых культур»

Адрес: 302530, Орловская область, Орловский район, п/о Жилина,

ВНИИСПК

Телефон/факс: 8 (4862) 42-11-39;

E-mail: info@vniispk.ru;

http://vniispk.ru/