

УТВЕРЖДАЮ:

Директор Федерального государственного  
бюджетного учреждения науки  
Института общей генетики им. Н.И. Вавилова  
Российской академии наук  
член.-корр. РАН Н.К. Янковский



2 марта 2016 г.

### **ЗАКЛЮЧЕНИЕ**

***Федерального государственного бюджетного учреждения науки  
Института общей генетики им. Н.И. Вавилова Российской академии  
наук***

Диссертация «Изучение генетического разнообразия рода *Malus Mill.* (яблоня) с помощью ДНК-маркеров» выполнена в Федеральном государственном бюджетном учреждении науки Институте общей генетики им. Н.И. Вавилова Российской академии наук.

В период подготовки диссертации с 2011 по 2015 гг. Савельева Екатерина Николаевна обучалась в очной аспирантуре в лаборатории генетики растений Федерального государственного бюджетного учреждения науки Институте общей генетики им. Н.И. Вавилова Российской академии наук.

С конца 2012 года по настоящее время работает в лаборатории генетики растений Федерального государственного бюджетного учреждения науки Институте общей генетики им. Н.И. Вавилова Российской академии наук в должности младшего научного сотрудника.

В 2011 г. окончила Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего профессионального образования «Мичуринский государственный педагогический институт» по специальности «Биология».



Справка о сдаче кандидатских экзаменов выдана в 2015 г. Федеральным государственным бюджетным учреждением науки Институтом общей генетики им. Н.И. Вавилова Российской академии наук.

Научный руководитель – д.б.н Кудрявцев Александр Михайлович, заведующий лабораторией генетики растений, заместитель директора по науке, Федеральное государственное бюджетное учреждение науки Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова Российской академии наук.

По итогам рассмотрения диссертации «Изучение генетического разнообразия рода *Malus* Mill. (яблоня) с помощью ДНК-маркеров» принято следующее **заключение:**

**Актуальность исследования.** Яблоня (*Malus* Mill.) является одной из древнейших плодовых культур. Именно яблоня домашняя (*M. domestica* Borkh.) занимает первое место по объемам мирового производства плодов среди культурных плодовых деревьев во всем мире – более 80 млн. тонн за 2013 год. Широкое распространение яблони объясняется многими ценными хозяйственно-биологическими признаками, прежде всего, меньшей требовательностью к условиям произрастания и более высокой адаптивностью по сравнению с другими плодовыми культурами.

Род *Malus* очень разнообразен по морфологии, виды представляют собой непростую систему экотипов, форм, вариаций. Уточнение видового состава и генетической структуры рода *Malus* позволит дать более четкую оценку его потенциала для селекции яблони, в частности при поиске новых источников генов устойчивости к различным заболеваниям. На территории Российской Федерации имеются богатые коллекции образцов рода *Malus*, включающие различные виды, гибриды рода *Malus* и сорта яблони вида *M. domestica*, а также сорта народной селекции Антоновки. Материал данных коллекций в целом хорошо отражает природное разнообразие рода *Malus*, может быть использован для изучения его генетического разнообразия и филогении, а также поиска ценного в селекционном отношении материала.



### **Научная новизна и практическая значимость исследования.**

Впервые было проведено изучение генетического разнообразия образцов рода *Malus* из отечественных коллекций с использованием высокоинформативных молекулярных маркеров (AFLP, S-SAP). 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 устойчивости у различных видов и сортов яблони домашней рода *Malus* из отечественных коллекций. Уникальные сорта народной селекции Антоновки также были взяты в исследование впервые, ранее молекулярно-генетические методы для их анализа не применялись.

Полученные в результате работы данные о генетическом разнообразии рода *Malus* могут быть использованы для решения проблем систематики и уточнения вопросов филогении видов рода *Malus*. Работа значительно дополняет собой обширно развивающееся направление в области изучения генетической variability рода *Malus*.

Данные, полученные в результате анализа генетической variability последовательностей семейства NBS-LRR генов устойчивости к заболеваниям у различных видов рода *Malus* будут полезны для маркер-опосредованной селекции при выведении новых сортов яблони. Сорта народной селекции Антоновки могут послужить новыми источниками хозяйственно-ценных признаков.

### **Степень достоверности результатов проведенных исследований.**

Работа выполнена на высоком методическом уровне с применением самых современных методов молекулярной генетики и статистического анализа. Результаты, полученные Савельевой Е.Н., достоверны и воспроизводимы.

### **Соответствие диссертационной работы избранной специальности.**



Диссертационная работа соискателя Савельевой Е.Н. соответствует избранной специальности 03.02.07 – генетика (согласно п.п. 12, 15 Паспорта номенклатуры специальностей научных работников по данной специальности).

#### **Личный вклад автора в исследование.**

Автор принимала личное участие на всех этапах выполнения работы, а именно: самостоятельный сбор коллекции образцов рода *Malus*, выполняла выделение ДНК, амплификацию, подготовку образцов к секвенированию, обсчет генетических статистик с использованием современных программных пакетов. За время аспирантуры освоила большой набор подходов к анализу ДНК-данных, включая филогенетические, статистические методы, и использовала их для оценки генетического разнообразия рода *Malus*. Автор лично проводила статистическую обработку полученных результатов и оформлял результаты для представления в виде тезисов и докладов на научных конференциях, а также принимала участие в написании и опубликовании статей по результатам работы.

#### **Полнота изложения материалов диссертации в печатных работах.**

Основные положения и результаты диссертационного исследования изложены автором в 5 печатных работах, в том числе в 2 статьях по теме диссертационной работы в журналах, входящих в перечень рецензируемых научных журналов и изданий, рекомендованных ВАК Минобрнауки для опубликования основных научных результатов диссертации, в 3-х тезисах, представленных на конференциях, в том числе двух международных. В опубликованных работах полностью изложен материал диссертации.

Диссертация Савельевой Екатерины Николаевны на тему «Изучение генетического разнообразия рода *Malus* Mill. (яблоня) с помощью ДНК-маркеров» является научно-квалификационной работой, в которой на основании проведенных автором исследований проведена оценка генетического разнообразия рода *Malus* российских коллекций, даны

рекомендации по использованию образцов яблони – источников новых генов устойчивости к заболеваниям для маркер-опосредованной селекции при выведении новых сортов яблони. Работа Савельевой Е.Н. соответствует критериям, которым должна отвечать диссертация, представленная на соискание ученой степени кандидата наук.

Диссертация на тему «Изучение генетического разнообразия рода *Malus* Mill. (яблоня) с помощью ДНК-маркеров» Савельевой Екатерины Николаевны рекомендуется к защите на соискание ученой степени кандидата биологических наук по специальности 03.02.07 - генетика.

Заключение принято на межлабораторном семинаре отдела генетики растений. Присутствовало на заседании 26 чел. Результаты голосования: «за» - 26 чел., «против» - 0 чел., «воздержалось» - 0 чел., протокол от 19 февраля 2016 г.

Руководитель семинара,  
зав. лаб. ИОГен РАН,  
проф., д.б.н.



Муха Д. В.