

ЗАКЛЮЧЕНИЕ ДИССЕРТАЦИОННОГО СОВЕТА Д 003.011.01  
НА БАЗЕ ФЕДЕРАЛЬНОГО ГОСУДАРСТВЕННОГО БЮДЖЕТНОГО  
НАУЧНОГО УЧРЕЖДЕНИЯ «ФЕДЕРАЛЬНЫЙ ИССЛЕДОВАТЕЛЬСКИЙ  
ЦЕНТР ИНСТИТУТ ЦИТОЛОГИИ И ГЕНЕТИКИ СИБИРСКОГО  
ОТДЕЛЕНИЯ РОССИЙСКОЙ АКАДЕМИИ НАУК»  
ПО ДИССЕРТАЦИИ НА СОИСКАНИЕ УЧЕНОЙ СТЕПЕНИ  
ДОКТОРА БИОЛОГИЧЕСКИХ НАУК

Аттестационное дело № \_\_\_\_\_

Дата защиты 26 октября 2017 г. протокол № 34

О присуждении Костерину Олегу Энгельсовичу  
ученой степени доктора биологических наук.

Диссертация Костерина О.Э. «Эволюция и геногеография дикорастущих форм рода Горох (*Pisum L.*)» по специальности 03.02.07 – генетика, принята к защите 27.06.2017 г, протокол № 21, диссертационным советом Д 003.011.01 на базе Федерального государственного бюджетного научного учреждения «Федеральный исследовательский центр Институт цитологии и генетики Сибирского отделения Российской академии наук», (630090, Новосибирск, пр. акад. Лаврентьева, 10). Диссертационный совет Д 003.011.01 утвержден ВАК 15.01.2010, приказ ВАК № 1-7 и переутвержден Министерством образования и науки РФ 11.04.2012 года, приказ № 105/нк.

**Соискатель:** Костерин Олег Энгельсович, 1963 года рождения, окончил Новосибирский государственный университет по специальности «Биология» в 1985 году, в 1995 г. защитил кандидатскую диссертацию на тему: «Наследование и свойства фракции гистона H1, специфичной для молодых тканей гороха (*Pisum sativum L.*)» и получил степень кандидата биологических наук по специальности генетика (диплом КТ № 011602 от 06 октября 1995 г.). Работает в ИЦиГ СО РАН с 1985 года, в настоящее время в должности ведущего научного сотрудника, заведующего лабораторией генетики и эволюции бобовых растений Федерального государственного бюджетного

научного учреждения «Федеральный исследовательский центр Институт цитологии и генетики Сибирского отделения Российской академии наук».

Диссертация выполнена в лаборатории генетики и эволюции бобовых растений Федерального государственного бюджетного научного учреждения «Федеральный исследовательский центр Институт цитологии и генетики Сибирского отделения Российской академии наук».

Официальные оппоненты:

1. **Агафонов Александр Викторович**, доктор биологических наук, старший научный сотрудник, ведущий научный сотрудник лаборатории интродукции редких и исчезающих видов растений, ФГБУН Центральный сибирский ботанический сад Сибирского отделения РАН, г. Новосибирск
1. **Горошкевич Сергей Николаевич**, доктор биологических наук, доцент, заведующий лабораторией дендрэкологии, ФГБНУ Институт мониторинга климатических и экологических систем СО РАН, г. Томск
2. **Лухтанов Владимир Александрович**, доктор биологических наук, профессор, ведущий научный сотрудник лаборатории систематики насекомых, ФГБУН Зоологический институт РАН, г. Санкт-Петербург

Оппоненты дали положительные отзывы на диссертацию.

Ведущая организация: Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова» г. Санкт-Петербург в своем положительном заключении, подписанном д. б. н., проф. Вишняковой М. А., и утвержденном директором Федерального государственного бюджетного научного учреждения «Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова» д.б.н., проф. Дзюбенко Н.И., указало, что

«Диссертация О.Э. Костерина «Эволюция и геногеография дикорастущих форм рода Горох (*Pisum* L.)», является законченной научно-квалификационной работой, вносящей весомый вклад в фундаментальные исследования экономически значимой в РФ зернобобовой культуры. При этом задачи, решенные автором диссертации, имеют и важное хозяйственное значение. Диссертация полностью соответствует критериям, установленным постановлением Правительства РФ от 24 сентября 2013 г., № 842 (пп. 9, 10, 11, 12, 13) «Положения о присуждении ученой степени», а ее автор заслуживает присуждения ученой степени доктора биологических наук по специальности 03.02.07 – генетика. Отзыв заслушан и утверждён на заседании отдела генетических ресурсов зернобобовых культур 15 сентября 2017 г., протокол № 1.»

Соискатель имеет всего 240 научных трудов, из них 32 по теме диссертации, общим объемом 939 страниц, в том числе 19 статей, опубликованных в научных рецензируемых изданиях, входящих в наукометрические базы Scopus и WoS, 11 статей в иных изданиях и 2 учебных пособия.

Наиболее значительные статьи Костерина О.Э. по теме диссертации:

1. **Костерин О.Э.** 2015. Перспективы использования диких сородичей в селекции гороха (*Pisum sativum* L.). // Вавиловский журнал генетики и селекции. Т. 19. № 2. С. 154-164.
2. **Костерин О.Э.** 2017. Горох абиссинский (*Pisum schaeferi* Kosterin nom. nov. pro *Pisum abyssinicum* A. Br.) – проблематичный таксон. // Вавиловский журнал генетики и селекции. – Т. 21. – № 2. – С. 158-169.
3. **Kosterin, O.E., V.S. Bogdanova.** 2008. Relationship of wild and cultivated forms of *Pisum* L. as inferred from an analysis of three markers, of the plastid, mitochondrial and nuclear genomes. // Genetic Resources and Crop Evolution. Vol. 55. Iss. 5. P. 735-755.

4. Zaytseva O.O., Bogdanova V.S, **Kosterin O.E.** 2012. Phylogenetic reconstruction at the species and intraspecies levels in the genus *Pisum* (L.) (peas) using a histone H1 gene. // Gene. Vol. 504.P. 192–202.
5. **Kosterin O.E.**, Bogdanova V.S. 2015. Reciprocal compatibility within the genus *Pisum* L. as studied in F1 hybrids: 1. Crosses involving *P. sativum* L. subsp. *sativum*. // Genetic Resources and Crop Evolution. Vol. 62. Iss. 5. P. 691-709.
6. Zaytseva O.O., Bogdanova V.S., Mglinets A.V., **Kosterin O.E.** 2016. Refinement of the collection of wild peas (*Pisum* L.) and search for the area of pea domestication with a deletion in the plastidic *psbA-trnH spacer* // Genetic Resources and Crop Evolution. E-publication ahead of print. DOI 10.1007/s10722-016-0446-4.

На автореферат диссертации поступило 9 отзывов, все положительные. Отзывы прислали:

1. **Тихонович Игорь Анатольевич**, доктор биологических наук, научный руководитель ФГБНУ Всероссийский научно-исследовательский институт сельскохозяйственной микробиологии, г. Санкт-Петербург-Пушкин, и **Жуков Владимир Александрович**, кандидат биологических наук, зав. лаб. генетики растительно-микробных взаимодействий ФГБНУ Всероссийский научно-исследовательский институт сельскохозяйственной микробиологии, г. Санкт-Петербург-Пушкин;
2. **Соколов Виктор Андреевич**, доктор биологических наук, ФГБУН Институт молекулярной и клеточной биологии СО РАН, г. Новосибирск. «Тем не менее, несмотря на то, что ему удалось существенно расширить и углубить знания об их изменчивости, автор со своей стороны не спешит внести ясность и в разделе 4.5 предлагает систему из трех подвигов посевного гороха лишь в качестве предварительной, продолжая придерживаться в тексте системы из двух подвигов Макстеда и Амброуза. Подобная нерешительность автора в квалификационном труде выглядит

несколько неожиданной и несколько контрастирует с решительностью его критики других авторов»

3. **Гричанов Игорь Яковлевич**, доктор биологических наук, рук. лаб. фитосанитарной деятельности и прогнозов ФГБНУ Всероссийский научно-исследовательский институт защиты растений, г. Санкт-Петербург, и **Каплин Владимир Григорьевич**, доктор биологических наук, профессор, старший научный сотрудник лаборатории сектора гербологии ФГБНУ Всероссийский научно-исследовательский институт защиты растений, г. Санкт-Петербург. **Замечания:** «Как известно, к основным вредителям гороха, кроме гороховой зерновки, повсеместно относятся также тли, гороховая плодожорка, клубеньковые долгоносики. К сожалению, генетические особенности устойчивости гороха к этим вредителям в работе не рассматривается».
4. **Крюков Алексей Петрович**, доктор биологических наук, зав. лаб. эволюционной зоологии и генетики ФИЦ Биоразнообразия наземной биоты востока Азии ДВО РАН, г. Владивосток. **Замечания:** «Основания для важного положения, касающегося реконструкции происхождения рода *Pisum*, выглядят нелогичными. Ключевое положение реконструкции центра происхождения рода *Pisum* выглядит неубедительным. "Наибольшее разнообразие дикорастущих форм *P. sativum* обнаруживается в Леванте" (с. 11), где также растет *P. fulvum*. Однако это утверждение о разнообразии не подтверждается генетическими данными автора: здесь обнаружено только два генетических варианта дикого гороха, как и некоторых других точках ареала - Сицилия (два других варианта) и Грузия (рис. 1). Кроме того, как показано, вторая из комбинаций - В - произошла в результате трех мутаций из варианта А, но пришла сюда в результате круговой миграции через Африку и Европу. В итоге получается, что основанием для признания комбинации А исходной служит не нахождение в Передней Азии, а ее обнаружение во всех трех видах гороха.»

5. **Бугров Александр Геннадьевич**, доктор биологических наук, доцент, ведущий научный сотрудник лаборатории филогении и фауногенеза ФГБУН Институт систематики и экологии животных СО РАН, г. Новосибирск;
6. **Лихенко Иван Евгеньевич**, доктор сельскохозяйственных наук, руководитель Сибирского НИИ растениеводства и селекции – филиала ФГБНУ ФИЦ Институт цитологии и генетики СО РАН, заместитель директора по научной работе ИЦиГ СО РАН, г. Новосибирск;
7. **Синюшин Андрей Андреевич**, кандидат биологических наук, доцент кафедры генетики Биологического факультета Московского Государственного Университета, г. Москва. **Замечания:** «1. Однако собственно фенотипам изученных форм в автореферате уделено на удивление мало внимания (с. 13-14). Автор описывает различия по количественным признакам, но ограничивается их качественным описанием (цветок среднего размера, цветоносы короткие и т.д.), не приводя значений даже тех признаков, по которым можно разграничить данные группы. Коль скоро автор оценивал значения ряда признаков, напрашивается обобщение их в виде многомерного анализа (например факторного), принятого в систематике – в том числе и внутривидовой. К сожалению, эти сведения отсутствуют в автореферат. 2. Из представленной работы возникает ощущение, что единственный критерий, по которому было сделано подобное разграничение – наличие вскрывания бобов, обеспечиваемого геном *DPO1*. Однако за вскрывание бобов у гороха ответственны еще как минимум два гена – *DPO2* и *GP*. .... нельзя исключать ... конвергентное сходство между разными линиями, имеющими вскрывающиеся бобы. Коль скоро между культивируемым и дикорастущим горохом возможна гибридизация, а обсуждаемый признак может контролироваться одним (но не единственно возможным) локусом, нельзя исключить перенос рецессивных аллелей в дикорастущие популяции и наоборот. а также конвергентное сходство между различными

линиями, имеющими вскрывающиеся бобы. Иными словами, одинаковый фенотип может иметь разную генетическую основу, создавая затруднения при использовании этого признака в качестве основного критерия в категоризации образцов. 3. Не вполне понятен выбор маркерной линии WL1238 в качестве репрезентативного образца культурного подвида гороха в экспериментах по изучению репродуктивной совместимости. Эта линия несет множество морфологических мутаций, среди которых keeled wings (превращение крыльев в элементы лодочки) и tenuis (узкий боб). Неочевидно, не влияет ли изменённое строение цветка и плода на успешность формирования семян в комбинациях, где WL1238 взята в качестве материнской формы. Также было бы уместно привести данные по успешности образования семян не только в экспериментах при скрещивании линий самих с собой, но и при самоопылении, т.е. без экспериментального вмешательства.»

8. **Артемов Игорь Анатольевич**, кандидат биологических наук, старший научный сотрудник ФГБУН Центральный сибирский ботанический сад СО РАН, г. Новосибирск. **Замечания:** «При этом никак не характеризуются отличия в строении плодов и семян, хотя domestикация представителей линии В при доступности представителей линии А наводит на мысль, что семена первых были в чем-то более предпочтительны.»
9. **Блинов Александр Геннадьевич**, кандидат биологических наук, ведущий научный сотрудник ФГБНУ «Федеральный исследовательский центр Институт цитологии и генетики СО РАН», г. Новосибирск.

Выбор официальных оппонентов и ведущей организации обосновывается тем, что официальные оппоненты являются компетентными специалистами в области генетики, филогенетики и геногеографии, имеют публикации в ведущих биологических журналах и дали свое письменное согласие быть оппонентами. Ведущая организация является в нашей стране ведущим

институтом в области изучения генетического разнообразия культурных растений.

**Диссертационный совет отмечает, что на основании выполненных соискателем исследований разработаны** новые представления о филогении рода Горох (*Pisum* L.) и структуре его генетического разнообразия.

**Доказана** глубокая дивергенция дикорастущих представителей гороха посевного (*Pisum sativum* L.\*) на две эволюционные линии, для которых **введены** условные обозначения АС и В и их таксономические обозначения в качестве двух дикорастущих подвидов *Pisum sativum* L. subsp. *biflorum* (Rafin.) Soldano и *P. sativum* L. subsp. *elatius* (Bieb.) Schmalh. **Предложена** модель географического расселения вида горох посевной по его ареалу в ходе дивергенции на основные эволюционные ветви. В широкомасштабном эксперименте по скрещиваниям географически отдаленных образцов гороха по диаллельной схеме **доказан** сложный характер репродуктивных барьеров между дикорастущими формами рода Горох (*Pisum* L.).

**Теоретическая значимость исследования обоснована тем,** что впервые **изучено** генетическое разнообразие репрезентативной выборки образцов гороха, для которых экспериментально подтвержден их дикорастущий статус, и **выявлены** закономерности географического распространения этого разнообразия.

**Изучен** полиморфизм ДНК пластидного (ген *rbcL* и межгенного спейсера *PsbA-trnH*), митохондриального (ген *cox1*) и ядерного (гены *SCA*, *His5* и *His7*) геномов. **Доказано,** что делеция в спейсере *PsbA-trnH* размером в 8 нуклеотидов маркирует пластидный геном всех представителей культурного подвида гороха и может быть использована для поиска сородичей их дикорастущего предка. **Доказано,** что гены гистона H1 являются удобными филогенетическими маркерами растений как на межвидовом, так и на внутривидовом уровне.

**Проведена** филогенетическая и геногеографическая реконструкция



истории рода Горох (*Pisum* L.) по молекулярным маркерам и **доказано**, что культурный подвид гороха (*Pisum sativum* L. subsp. *sativum*) возник вследствие доместикиции представителей эволюционной линии В.

**Изучена** репродуктивная совместимость у отдаленных форм дикорастущего гороха и показано, что их отношения на основе этой характеристики не вписываются в иерархически организованную таксономическую систему.

**Значение полученных соискателем результатов исследования для практики подтверждается тем, что создана** коллекция базового набора дикорастущих образцов гороха, наиболее полно отражающая существующее генетическое разнообразие рода. **Разработан** способ определения принадлежности образцов гороха к основным эволюционным линиям на основании анализа трех молекулярных маркеров, что важно для вовлечения в селекционный процесс наибольшего генетического разнообразия дикорастущих сородичей гороха. **Определены** основные эволюционные линии рода Горох, в том числе, две линии в пределах дикорастущих представителей гороха посевного, которые являются важными и независимыми составляющими генетических ресурсов диких сородичей культурного гороха, потенциально значимыми для селекции.

**Представлены практические рекомендации** по изменению традиционной технологии скрещиваний гороха применительно к дикорастущим формам, а именно рекомендовано отложенное опыление на следующий день после кастрации бутонов.

Полученные знания представляют интерес для научно-исследовательских учреждений биологического профиля, занимающихся генетикой растений и теорией эволюции, и **используются** в образовательном процессе при чтении автором курса лекций «Генетика» с 2009 г. по настоящее время в Новосибирском государственном университете для студентов 3-го курса двух его подразделений: факультета естественных наук (отделение биология) и института медицины и психологии.

**Применительно к проблематике диссертации результативно** использованы как подходы традиционной ботаники и классической генетики (гибридологический анализ), так и новые молекулярно-генетические и биоинформатические методы, включающие рестрикционный анализ амплифицированных фрагментов, секвенирование генов и филогенетический анализ. С их помощью **раскрыты** основные пути эволюции рода Горох и **выявлены** две основные ветви эволюции дикого посевного гороха, одна из которых дала начало его культурному подвиду (*P. sativum* subsp. *sativum*), а также установлен сложный характер репродуктивных барьеров у эволюционно отдаленных представителей рода, не вписывающийся в традиционную таксономическую систему.

**Оценка достоверности результатов исследования** выявила высокую надежность полученных результатов, высокую воспроизводимость молекулярных экспериментов и надлежащую статистическую обработку численных данных. Растения выращивались в выровненных стандартных условиях гидропонной теплицы центра коллективного пользования «Лаборатория искусственного выращивания растений ИЦиГ СО РАН». Результаты получены на сертифицированном оборудовании и могут быть использованы другими исследователями.

**Использованы** современные методы анализа нуклеотидных последовательностей. **Идея исследования** базируется на **анализе данных литературы и мировых коллекций генетического разнообразия**, выявившем недостаточную изученность диких форм рода Горох и противоречивость существующих представлений о характере и структуре их генетической изменчивости. Интерпретация полученных результатов по филогении и геногеографии дикорастущих представителей рода Горох **учитывает данные, полученные ранее** другими исследователями по рассматриваемой тематике.

**Личный вклад автора** состоит в непосредственном участии в получении всех представленных в работе данных, их обобщении и интерпретации.

Полученные соискателем научные результаты соответствуют заявленной специальности 03.02.07 – генетика, и п. 12. «Структурная, функциональная и эволюционная геномика. Генетическая биоинформатика. Геносистематика» и п. 15. «Естественный и искусственный отбор, видообразование, генетические механизмы эволюции. Экологическая и природоохранная генетика.» паспорта специальностей 03.02.07 – генетика (биологические науки).

Диссертационным советом сделан вывод о том, что диссертация Костерина О.Э. представляет собой законченную научно-квалификационную работу, которая соответствует критериям пункта 9 «Положения о присуждении ученых степеней», утвержденным постановлением Правительства Российской Федерации от 24 сентября 2013 г. № 842.

На заседании 26 октября 2017 года диссертационный совет принял решение присудить Костерину Олегу Энгельсовичу учёную степень доктора биологических наук.

При проведении тайного голосования диссертационный совет в количестве 22 человек, из них 8 докторов наук по специальности, участвующих в заседании, из 27 человек, входящих в состав совета, проголосовали: за – 22, против – нет, недействительных бюллетеней – нет.

Председатель  
диссертационного совета  
академик РАН  
Ученый секретарь  
диссертационного совета  
доктор биологических наук



В.К. Шумный

Т.М. Хлебодарова

26.10.2017 г.