

Отзыв  
на автореферат диссертации  
**Розановой Ирины Вениаминовны на тему: «Идентификация и маркирование геномных локусов, ассоциированных с устойчивостью ячменя к грибным болезням»**  
представленной на соискание ученой степени кандидата биологических наук по  
специальности 1.5.7 – «Генетика»

Благодаря способности произрастать в различных климатических условиях, ячмень является одной из наиболее возделываемых зерновых культур. Площадь посевов ячменя в мире составляет более 50 млн га, это пятое место после пшеницы, кукурузы, риса и сои. Гемибиотрофные патогены, такие как *Cochliobolus sativus* Drechs. Ex Dastur (возбудитель темно-буровой пятнистости и корневой гнили) и *Pyrenophora teres* f. *teres* Drechsler (возбудитель сетчатой пятнистости) распространены повсеместно в ареале возделывания ячменя. Ежегодные потери урожая от данных патогенов составляют от 10 до 20%, а в благоприятные для развития болезни годы достигают 40-45 %. Как было показано ранее, практически все сорта, зарегистрированные в Государственном реестре селекционных достижений, восприимчивы к сетчатой и темно-буровой пятнистостям. Одной из экологически безопасной технологией растениеводства является возделывание сортов с генетической устойчивостью к болезням, что становится одним из важных показателей конкурентоспособности сортов. Подходы традиционной селекции, дополненные методами ускоренного отбора на основе анализа полиморфизма ДНК позволяют предсказать фенотип, необходимо провести предварительное картирование локусов, контролирующих хозяйствственно-ценные признаки. В последние годы для поиска ассоциаций между фенотипом и генотипом используется полногеномный анализ ассоциаций (GWAS, genome-wide association study), который значительно расширяет генетическое разнообразие доноров устойчивости к возбудителям заболеваний.

Данные об устойчивости к темно-буровой и сетчатой пятнистостям, корневой гнили у сортов ячменя сибирской селекции отсутствуют. Целью данной работы является выявление геномных локусов ячменя, ассоциированных с устойчивостью к болезням, вызываемым грибными патогенами *Pyrenofora teres* f. *teres* и *Cochliobolus sativus*, и разработка с последующей валидацией диагностических ДНК-маркёров для селекционных программ. Для решения поставленных задач Розанова И.В. использовала современные методы молекулярной генетики: анализ ассоциаций «генотип – фенотип» позволило провести использование SNP-чипа «Barley 50 K Illumina Infinium iSELECT»), поиск и анализ нуклеотидных последовательностей генов; выделение ДНК растений; ПЦР и метод секвенирования по Сенгеру; молекулярно-генетическое картирование и идентификация генов с использованием методов GWAS и PLS.

В ходе данной работы проведена фитопатологическая оценка устойчивости к четырем изолятам возбудителей сетчатой, к трем темно-буровой пятнистостей и одного к корневой гнили и выделены сорта ячменя Алей и Колчан с групповой устойчивостью (Алей – ко всем трем болезням, Колчан – к темно-буровой пятнистости и корневой гнили), а также 8 сортов устойчивых ко всем используемым изолятам возбудителя сетчатой и 7 сортов – ко всем изолятам темно-буровой пятнистостей. При помощи GWAS и PLS-анализа установлено, что шесть геномных районов (на хромосомах 1Н, 2Н, 3Н и 6Н) ассоциированы с ювенильной устойчивостью к сетчатой пятнистости (к индивидуальным изолятам) и пять геномных районов (на хромосомах 1Н, 2Н, 3Н и 7Н) – с ювенильной устойчивостью к темно-буровой пятнистости (к индивидуальным изолятам), из которых три геномных района (на хромосомах 2Н, 3Н и 7Н) ассоциированы, возможно, с расконеспецифической устойчивостью к трем исследуемым изолятам *C. sativus*. Автором показано, что разработанные в данном исследовании диагностические ПЦР-маркеры, в том числе запатентованный маркер (патент RU2740404C1), могут быть использованы для

ускоренного, экономичного и эффективного отбора устойчивых форм среди селекционного материала.

Таким образом, диссидентом впервые проведена оценка устойчивости сибирского генофонда ячменя к гемиотрофным патогенам *Pyrenofora teres* f. *teres* (возбудитель сетчатой пятнистости) и *Cochliobolus sativus* (возбудитель темно-буровой пятнистости и корневой гнили) и выявлено пять геномных районов, значимо ассоциированных с устойчивостью к темно-буровой пятнистости, и шесть – к сетчатой пятнистости. Выявленные геномные районы соответствовали положению ранее описанных локусов в литературе. Однако применение чипа высокой плотности позволило сузить внутрихромосомный район их локализации. Выявленные локусы содержали в себе новые SNP, что сделало возможным разработку диагностических ПЦР-маркеров. В дальнейшем, их использование позволит выявлять устойчивые генотипы среди селекционных гибридов, что существенно сократит объем анализируемых селекционных линий за счет исключения большей части восприимчивых генотипов без выполнения их фенотипической оценки.

Хочется заметить, что было бы хорошо к местным формам, которые выявлены как устойчивые и представлены в таблице 2 автореферата, добавить номера каталогов, чтобы их было возможно отметить в коллекции.

По материалам диссертации автором опубликовано 5 статей в зарубежных рецензируемых журналах. Анализ представленных результатов свидетельствует о кропотливом труде диссидентанта. Диссертация является самостоятельным, законченным научным исследованием, выполненным на высоком современном уровне. Анализ полученных данных показывает их достоверность, обоснованность научных положений, новизну. Выводы подтверждены результатами исследования. Работа имеет теоретическое и практическое значение.

Считаем, что автореферат диссертационной работы Розановой Ирины Венианиловны соответствует требованиям ВАК, диссертационная работа заслуживает высокой оценки и ее автор присуждения искомой степени кандидата биологических наук по специальности «Генетика» – 1.5.7.

07.04.2023

Доктор биологических наук,  
доцент, главный научный сотрудник,  
заведующий отделом генетических  
ресурсов овса, ржи, ячменя ВИР  
i.loskutov@vir.nw.ru



Лоскутов Игорь Градиславович

Кандидат биологических наук,  
Ведущий научный сотрудник,  
отдела генетических  
ресурсов овса, ржи, ячменя ВИР  
o.kovaleva@vir.nw.ru



Ковалева Ольга Николаевна

Федеральное государственное бюджетное научное учреждение  
«Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов  
растений имени Н.И. Вавилова (ВИР)»  
190000, С-Петербург, ул. Большая Морская, 42, 44  
Раб. тел. (812) 571-93-88



Подпись Лоскутова И.Г. и Ковалевой О.Н. заверяю:  
и.о. ученого секретаря ВИР

Ефремова Ольга Сергеевна