

## О Т З Ы В

на автореферат диссертационной работы КОРЗУНА Виктора Николаевича на тему:  
**«РАЗРАБОТКА И ПРИМЕНЕНИЕ ГЕНОМНЫХ ТЕХНОЛОГИЙ ДЛЯ МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКОГО КАРТИРОВАНИЯ И ПРИКЛАДНОЙ СЕЛЕКЦИИ ЗЕРНОВЫХ КУЛЬТУР»**, представленной к защите в диссертационном совете Д006.041.02 на базе ФГБОУ «Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова» (ВИР) на соискание ученой степени доктора биологических наук по специальностям 03.02.07 – генетика и 06.01.05 – Селекция и семеноводство сельскохозяйственных растений

Для создания новых сортов пшеницы, сочетающих высокую продуктивность, устойчивость к болезням и вредителям с высоким качеством зерна, необходимо иметь детальную информацию о структурной организации генома этой культуры. С развитием геномных технологий для исследования организации и функционирования генома пшеницы используются разные типы молекулярных маркеров; с их помощью создают молекулярные карты хромосом, производят картирование QTL, контролирующих хозяйственно-важные признаки. Молекулярные маркеры легли в основу создания нового направления - маркер-ориентированной селекции (MAS) - эффективного метода интrogрессии моногенно наследуемых признаков. Для сложных количественных признаков, однако, метод MAS оказался слишком дорогостоящим и недостаточно эффективным. Для прогнозирования количественно наследуемых признаков в непроверенных селекционных популяциях на основе геномных моделей, полученных из обширных референсных популяций, более перспективной может стать геномная селекция (GS).

Таким образом, задачи разработки и применения геномных технологий, повышения доступности молекулярного маркирования для фундаментальных исследований и практической селекции, на решение которых направлена диссертационная работа КОРЗУНА В.Н., являются высоко АКТУАЛЬНЫМИ.

В процессе выполнения работы диссидентантом с использованием SSR-маркеров была создана первая молекулярно-генетическая карта мягкой пшеницы (*Triticum aestivum L.*) (Röder, Korzun et al., 1998), проведена полная расшифровка генома ржи (*Secale cereale L.*) и разработан первый масштабный набор SNP-чипов для этой культуры (Bauer et al., 2017), научно обоснован метод геномной

селекции для отбора генотипов ячменя по пивоваренным качествам (Schmidt et al., 2016). С его участием был впервые реализован инновационный подход по картированию генов с использованием секвенирования, получения специфических SNP-маркеров и масштабных генетических популяций с более 5000 растений, который доказал свою эффективность для решения задачи по определению генов *Rfp1* (восстановление фертильности) у озимой ржи. Большое значение имеют работы доктора по созданию молекулярных маркеров ключевых генов для анализа генетических ресурсов зерновых культур на устойчивость к низкотемпературному и осмотическому стрессам и засухе, а также продуктивности и качества зерна. Исследования коллекции образцов разных видов диплоидных пшениц и *Ae. tauschii*, проведенные В.Н. Корзуном, показали, что метод SSR-маркирования является ценным инструментом для рациональной классификации материала в генетических банках, оценки генетического родства видов. Диссертационная работа также продемонстрировала перспективность использования SSR-маркеров для идентификации и локализации межсортовых замещений хромосом пшеницы, проверки аутентичности линий пшеницы, несущих чужеродный генетический материал.

Таким образом, диссертационная работа В.Н. Корзуна вносит существенный вклад в развитие исследований по созданию качественно нового генетического материала. Следует отметить, что значительная часть опубликованных им результатов (более 170 научных статей), созданного генетического материала и молекулярных маркеров ключевых генов, определяющих хозяйственно-важные признаки, нашли дальнейшее использование в научных исследованиях и в селекционном процессе важнейших зерновых культур.

Основные данные, полученные доктором, были опубликованы в 115 научных статьях в зарубежных журналах из списка ВАК, 9 монографиях или главах в монографиях, и трех патентных заявках, а также в материалах международных и российских конференций.

В качестве замечания следует указать, что вид *Aegilops ventricosa*, упомянутый в автореферате как *Triticum ventricosum* (syn. *Gastropyrum ventricosum* (Tausch) Á. Löve, (2n = 2x= 14), стр. 7, является не диплоидом, а тетраплоидом с геномным составом DDNN. Данное замечание, однако, не существенное и не снижает научной ценности работы В.Н. Корзуна.

На основании вышеизложенного считаю, что диссертационная работа КОРЗУНА Виктора Николаевича на тему: «РАЗРАБОТКА И ПРИМЕНЕНИЕ ГЕНОМНЫХ ТЕХНОЛОГИЙ ДЛЯ МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКОГО КАРТИРОВАНИЯ И ПРИКЛАДНОЙ СЕЛЕКЦИИ ЗЕРНОВЫХ КУЛЬТУР», соответствует критериям пп. 9-14 «Положения о порядке присуждения ученых степеней», утвержденного постановлением Правительства РФ от 24 сентября 2013 г. № 842, и представляет собой завершенную научно-квалификационную работу, а её автор - Корзун Виктор Николаевич, заслуживает присуждения ученой степени доктора биологических наук по специальности 03.02.07 – генетика и 06.01.05 – Селекция и семеноводство сельскохозяйственных растений.

**Бадаева Екатерина Дмитриевна,**  
доктор биологических наук  
по специальностям  
03.01.03 – молекулярная биология и  
03.02.07 – генетика

ведущий научный сотрудник  
лаборатории генетических основ  
идентификации растений  
Федерального государственного  
бюджетного учреждения науки Института  
общей генетики им. Н.И. Вавилова РАН (ИОГен РАН)  
почтовый адрес: Москва 119991, ГСП-1, ул. Губкина, д. 3,  
тел. +7 499-135-0460;  
e-mail: katerinabadaeva@gmail.com).

31 августа 2021 г.

Подпись Е.Д. Бадаевой **ЗАВЕРЯЮ:**  
Ученый секретарь ИОГен РАН  
Доктор биологических наук

