

ОТЗЫВ

на автореферат диссертации Добряковой К.С. «Молекулярно-филогенетическое исследование видов *Elymus* L. флоры России», представленной на соискание ученой степени кандидата биологических наук по специальности 03.02.01 - Ботаника

В настоящий период молекулярно-генетические методы исследования биоты чрезвычайно востребованы в отношении таких теоретических и прикладных разработок, как изучение видового состава дикорастущих растений, их филогенетических связей, а также механизмов микроэволюционных процессов. Автор диссертации справедливо отмечает, что зарубежные исследования посвящены большей частью американским и китайским видам, к которым можно добавить еще и европейские эндемичные таксоны. В молекулярные исследования было вовлечено лишь небольшое число сибирских и дальневосточных видов, и только выходящих за пределы границ России. И действительно, филогенетическая картина рода остается неполной без включения в исследование образцов из природных популяций Сибири, Дальнего Востока и европейской части нашей страны.

По нашему мнению, главная составляющая актуальности диссертационной работы К.С. Добряковой заключается в том, что на примере 29 российских видов *Elymus*, среди которых не менее 10 эндемичных для территории Сибири и Дальнего Востока России, показана перспективность использования молекулярных методов в связке с методологией классической ботаники. Особо следует отметить достаточный уровень апробации многих разделов работы, что следует из обширного списка участия диссертанта в конференциях всех уровней.

В этом аспекте диссертационная работа К.С. Добряковой представляет собой целостное и законченное исследование, подкрепленное фактическим материалом с достаточно убедительной методической проработкой.

Одновременно следует отметить ряд весьма дискуссионных положений, вытекающих из результатов секвенирования участков ITS и района *trnL-trnF* и в перспективе требующих своего объяснения.

1. В результатах построения филогенетического дерева (рис. 1) и по данным табл. 1 не обсуждаются вопросы, связанные с геномной конституцией изучаемых видов, хотя в примечании к таблице приводятся четкие данные о секционном положении видов по Н.Н. Цвелеву и о родовой принадлежности видов согласно геномному критерию.

2. В автореферате недостаточно четко сформулированы объяснения тому важному факту, что распределения видов *Elymus* по ветвям филогенетических деревьев, «не соответствуют делению на секции, принятому во всех последних систематических обработках рода *Elymus*», и «образцы, по таксономическим признакам относящиеся к одному виду *Elymus*, часто располагались на разных ветвях филогенетического дерева». Действительно, во многих ветвях дерева, построенного по результатам анализа участка ITS1-ITS2 (рис. 1) и в группах, отражающих общий полиморфизм района *trnL-trnF* (табл. 1), расположены виды с разной геномной конституцией. На стр. 11 дано объяснение сходству ITS-последовательностей видов *Elymus* и *Elytrigia*, которое основывалось на наличии общего субгенома St, но это относится только к видам секции или самостоятельного рода *Pseudoroegneria*, виды других секций рода *Elytrigia* не несут этого субгенома.

3. Из частных вопросов представляется неясным, по каким причинам восточно-казахстанский вид *E. karakabinicus*, якобы найденный в Горном Алтае, попал в обособленную кладу, включающую

в основном таксоны из родства SHY-геномного *E. dahuricus*, и почему образцы *E. nevskii* (StY-геном) и *E. fibrosus* (StH-геном) образуют единую достаточно хорошо поддержанную субкладу. По-видимому, здесь также следует акцентировать объяснение на наличии общего St-генома, полученного от предков древнего рода *Pseudoroegneria*.

Наиболее проработанным, на наш взгляд, является раздел, посвященный молекулярно-генетической дифференциации видов *Elymus dahuricus* aggr., или, по другой обработке, самостоятельного единого вида *Campeiostrachys dahwica*. Успешность исследований, представленных в разделе, во многом обусловлена несравненно большим числом образцов, включенных в анализ. Отсюда вытекает важный вывод, что эндемичные российские виды необходимо также исследовать на материале большего числа образцов, чем было изучено в первой части работы. Одновременно надо отчетливо понимать, что от ошибок в определении видовой принадлежности материала не застрахован ни один специалист, тем более, когда в поле зрения попадают всего 1-2 образца. Это правило обусловлено не только менделевским характером наследования ряда альтернативных морфологических признаков внутри конкретного вида, но и протекающими гибридными и интрогрессивными процессами в природных популяциях.

Из досадных опечаток следует отметить неверное написание некоторых видов в отдельных разделах, таких как «*E. jakutensis*.» в табл. 2а (стр. 17), не тождественное обозначение *E. sosnowskyi* (рис. 1, стр. И) и *P. sosnowskyi* (табл. 2а, стр. 17), а также не выверенные шрифты в табл. 1 и 2б и неверное расставление знаков препинания в сложных синтаксических конструкциях.

Несмотря на ряд недостатков в представленном варианте, можно сделать вывод, что диссертация Добряковой К.С. «Молекулярно-филогенетическое исследование видов *Elymus* L. флоры России» по общей постановке проблемы и по ходу решения конкретных задач соответствует требованиям, предъявляемым к кандидатским диссертациям, а ее автор заслуживает присуждения искомой степени кандидата биологических наук по специальности 03.02.01 - Ботаника

Доктор биологических наук
(03.00.05 – Ботаника
03.00.15 – Генетика)
ведущий научный сотрудник



Агафонов Александр Викторович

Лаборатория редких и исчезающих видов растений
Федеральное государственное бюджетное учреждение науки
Центральный сибирский ботанический сад
Сибирского отделения Российской Академии наук
634090 г. Новосибирск, ул. Золотогорная, 101
Телефон: +7 (383) 339-97-91, 913-456-4839
e-mail: agalex@mail.ru
http://www.csbg.nsc.ru
7.01.2017

