

Министерство науки и высшего образования
Российской Федерации

Федеральный исследовательский центр
Всероссийский институт генетических ресурсов
растений имени Н.И. Вавилова



Материалы
Всероссийской научно-практической конференции

**«ГЕНЕТИЧЕСКИЕ РЕСУРСЫ РАСТЕНИЙ
ДЛЯ ГЕНЕТИЧЕСКИХ ТЕХНОЛОГИЙ:
К 100-ЛЕТИЮ
ПУШКИНСКИХ ЛАБОРАТОРИЙ ВИР»**

Тезисы докладов

г. Санкт-Петербург, 22–23 июня 2022 г.

Министерство науки и высшего образования Российской Федерации
Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов
растений имени Н.И. Вавилова (ВИР)

Материалы
Всероссийской научно-практической конференции
**«ГЕНЕТИЧЕСКИЕ РЕСУРСЫ РАСТЕНИЙ
ДЛЯ ГЕНЕТИЧЕСКИХ ТЕХНОЛОГИЙ:
К 100-ЛЕТИЮ
ПУШКИНСКИХ ЛАБОРАТОРИЙ ВИР»**

г. Санкт-Петербург, 22–23 июня 2022 г.

Тезисы докладов

Санкт-Петербург, 2022

в рамках соглашения № 075-15-2021-1050 (от 28.09.2021)
при финансовой поддержке – ООО «Компания Хеликон»



УДК 575:631.52:631/635:631.117.4(470+571)

ББК 41.310я431 + 28.54я431

Г34

Г34 **Генетические ресурсы растений для генетических технологий : к 100-летию Пушкинских лабораторий ВИР** : материалы Всероссийской научно-практической конференции, г. Санкт-Петербург, 22–23 июня 2022 г. : тезисы докладов : научное электронное издание / под редакцией Ю. В. Ухатовой, Е. А. Соколовой ; Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова. – Санкт-Петербург : ВИР, 2022. – 233, [1] с. : табл., ил.

ISBN 978-5-907145-84-9

Представлены программа и тезисы Всероссийской конференции «Генетические ресурсы растений для генетических технологий: к 100-летию Пушкинских лабораторий ВИР», которая проходила на площадке ВИР 22–23 июня 2022 г. в рамках соглашения № 075-15-2021-1050 от 28.09.2021 г. (далее – Мероприятие/Конференция).

Новый технологический уклад, направленный на развитие биоэкономики, повышает востребованность биоресурсных коллекций (БРК), в том числе, – коллекций генетических ресурсов растений. В настоящее время активно внедряются новые подходы к управлению коллекциями и к их изучению. Основы работы с коллекциями генетических ресурсов растений были заложены 100 лет назад Николаем Ивановичем Вавиловым. 20 мая 1922 г. в Детском селе (г. Пушкин) организована Центральная селекционная и генетическая станция (с 1939 г. – Пушкинские лаборатории ВИР) как одна из точек проведения эколого-географических испытаний образцов коллекции. Одновременно эта экспериментальная база стала ядром развития методических подразделений ВИР, направленных на всестороннее изучение образцов коллекции с использованием методов генетики, физиологии, анатомии, цитологии, биохимии, технологической оценки.

Задача Конференции – осветить всю широту современных направлений работы с коллекциями генетических ресурсов растений и их применения в фундаментальной науке и прикладных областях экономики. Обсуждались вопросы сохранения, комплексного изучения (в том числе всесторонней характеристики и генетической паспортизации) и использования генетических ресурсов культурных растений и их диких родичей. Также рассматривались аспекты инвентаризации и формирования единых принципов менеджмента БРК.

Направления работы Конференции включали: «Сохранение коллекций генетических ресурсов растений», «Изучение генетических ресурсов растений» и «Прикладные исследования генетических ресурсов растений». В сборнике представлены также тезисы докладов заведующих подразделений, сотрудников и ветеранов ВИР, в которых отражена деятельность отделов и лабораторий института в течение 100 лет – до нашего времени.

Для широкого круга специалистов в сфере работ с биоресурсными коллекциями, в том числе студентов, аспирантов и молодых ученых в возрасте до 39 лет.

Тезисы публикуются в авторской редакции. За объективность и достоверность представленных данных ответственность несут авторы (соавторы) публикуемых тезисов.

Web-сайт Конференции: <https://www.vir.nw.ru/blog/2021/10/29/brk2021/>

УДК 575:631.52:631/635:631.117.4(470+571)

ББК 41.310я431 + 28.54я431

ISBN 978-5-907145-84-9

DOI 10.30901/978-5-907145-84-9

© Федеральный исследовательский центр
Всероссийский институт генетических
ресурсов растений имени Н.И. Вавилова
(ВИР), 2022

© Авторы статей, 2022

Ministry of Science and Higher Education of the Russian Federation
Federal Research Center
the N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources (VIR)

Proceedings
of the All-Russian Scientific and Practical Conference

**PLANT GENETIC RESOURCES
FOR GENETIC TECHNOLOGIES:
TO THE 100TH ANNIVERSARY
OF PUSHKIN LABORATORIES OF VIR**

St. Petersburg, June 22–23, 2022

Abstracts

St. Petersburg, 2022

under Agreement No. 075-15-2021-1050 (of Sept. 28, 2021)
with financial support from Helicon Company Ltd.



UDC 575:631.52:631/635:631.117.4(470+571)

Plant Genetic Resources for Genetic Technologies : To the 100th Anniversary of Pushkin Laboratories of VIR : Proceedings of the All-Russian Scientific and Practical Conference, St. Petersburg, 22–23 June 2022 : Abstracts : scientific online edition / Yu. V. Ukhatova, E. A. Sokolova (eds) ; N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources. – St. Petersburg : VIR, 2022. – 233, [1] p. : tab., ill.

ISBN 978-5-907145-84-9

The program and abstracts of the All-Russian Conference *Plant Genetic Resources for Genetic Technologies: To the 100th Anniversary of Pushkin Laboratories of VIR* are presented. The conference was held at VIR on June 22–23, 2022, under Agreement No 075-15-2021-1050 of Sept. 28, 2021 (hereinafter: Event/Conference).

The new technological setup aimed at the development of bioeconomy increases the demand for bioresource collections (BRC), including collections of plant genetic resources. Currently, new approaches to collection management and studying are being actively introduced. The foundations for the work with collections of plant genetic resources were laid 100 years ago by Nikolai Vavilov. On May 20, 1922, the Central Breeding and Genetic Station (since 1939: Pushkin Laboratories of VIR) was organized in Detskoye Selo (Pushkin) as one of the sites for environmental and geographical testing of the collection accessions. At the same time, this experimental site became the core element for the development of VIR's methodological divisions whose aim was comprehensive studying of accessions using the methods of genetics, physiology, anatomy, cytology, biochemistry, and technological assessment.

The objective of the Conference was to highlight the full scope of modern trends in the work with collections of plant genetic resources and their application in fundamental science and applied sectors of economy. The issues of conservation, integrated studying (including comprehensive characterization and genetic certification) and utilization of crop genetic resources and their wild relatives were discussed. Aspects of inventorying and development of uniform principles for BRC management were also considered.

The thematic areas of the Conference included: Conservation of Plant Genetic Resources Collections, Study of Plant Genetic Resources, and Applied Research on Plant Genetic Resources. This edition also contains the abstracts of presentations prepared by heads of departments, employees and veterans of VIR, showing the activities of the Institute's departments and laboratories for 100 years – up to the present time.

Addressed to a wide range of experts in the field of the work with bioresource collections, including students, postgraduate students and young scientists under the age of 39.

Abstracts are published in the authors' initial versions. The authors (co-authors) of the published abstracts are responsible for the impartiality and reliability of the data presented.

The Conference's website: <https://www.vir.nw.ru/blog/2021/10/29/brk2021/>

UDC575:631.52:631/635:631.117.4(470+571)

ISBN 978-5-907145-84-9

DOI 10.30901/978-5-907145-84-9

© Federal Research Center
the N.I. Vavilov All-Russian Institute
of Plant Genetic Resources (VIR), 2022
© Authors of articles, 2022

ОГЛАВЛЕНИЕ

Программа Конференции «Генетические ресурсы растений для генетических технологий: к 100-летию Пушкинских лабораторий ВИР».....	14
СЕКЦИЯ 1. СОХРАНЕНИЕ КОЛЛЕКЦИЙ ГЕНЕТИЧЕСКИХ РЕСУРСОВ РАСТЕНИЙ	25
<i>Авакян А. Э., Саргсян Г. Ж.</i> Стратегические аспекты формирования семенных коллекций овощебахчевых культур в Армении.....	26
<i>Булатова Н. Ш.</i> Вавиловский вектор цитогенетического изучения биоресурсов.....	28
<i>Гавриленко Т. А.</i> Культурные виды картофеля в коллекции ВИР.....	29
<i>Крючков С. Н., Солонкин А. В., Соломенцева А. С., Егоров С. А., Романенко А. К.</i> Растения коллекционного фонда ФНЦ агроэкологии РАН как источники ценных признаков для биоресурсной коллекции.....	30
<i>Кулешов А. С.</i> Разнообразие рода <i>Citrus</i> L. в коллекции ФИЦ СНЦ РАН.....	32
<i>Мамедова С. М., Вишнякова М. А.</i> Эколого-географическое разнообразие бобов (<i>Vicia faba</i> L.) в коллекции ВИР.....	34
<i>Матыс И. С., Маркевич И. М.</i> Сохранение генетических ресурсов растений в Национальном банке семян Беларуси.....	36
<i>Наджодов Б. Б., Джумаев К. У., Насырова Ф. Ю.</i> «Ради нее одной надо было быть на Памире» – Вавилов и его экспедиции на Памир.....	38
<i>Привалов Ф. И., Гриб С. И., Матыс И. С.</i> Национальная коллекция генетических ресурсов растений Республики Беларусь и результаты ее использования.....	41
<i>Сарикян К. М., Григорян М. Г.</i> Изучение некоторых интродуцированных диких сородичей баклажана в Армении.....	43
<i>Фомина Н. А., Гавриленко Т. А., Травина С. Н.</i> Генетическое разнообразие образцов андийских культурных видов картофеля, сохраняемых на Полярной опытной станции ВИР.....	45
СЕКЦИЯ 2. ИЗУЧЕНИЕ ГЕНЕТИЧЕСКИХ РЕСУРСОВ РАСТЕНИЙ	48
<i>Апанасова Н. В., Беляченко Ю. А., Гуторова О. В., Госенова О. Л., Смолькина Ю. В., Юдакова О. И.</i> Коллекция кукурузы Саратовского государственного университета: создание и перспективы использования.....	49
<i>Бабак О. Г., Анисимова Н. В., Некрашевич Н. А., Яцевич К. К., Дрозд Е. В., Фатеев Д. А., Беренсен Ф. А., Артемьева А. М., Кильчевский А. В.</i> Новый полиморфизм генов <i>MYB113-like</i> рода <i>Capsicum</i> и <i>MYB114</i> рода <i>Brassica</i> в связи с регуляцией биосинтеза антоцианов.....	51
<i>Баймухаметова Э. А., Бережнева З. А., Мусин Х. Г., Швец Д. Ю., Кулуев Б. Р.</i> Использование штамма <i>K599 Agrobacterium rhizogenes</i> для получения трансгенных растений.....	53
<i>Бережнева З. А., Мусин Х. Г., Кулуев Б. Р.</i> Роль гена <i>PtrXTH1</i> в регуляции стрессоустойчивости трансгенных растений табака в условиях гипотермии.....	55
<i>Гайнуллина К. П., Румянцев С. Д., Кулуев Б. Р.</i> Роль гена транскрипционного фактора <i>AVI3</i> в регуляции биосинтеза запасных белков семян гороха.....	57
<i>Галимова А. А., Кулуев Б. Р.</i> Аллели локусов высокомолекулярных субъединиц глютеина у сортов мягкой пшеницы (<i>Triticum aestivum</i> L.) Предуральской степной зоны.....	59
<i>Глаголева А. Ю., Шоева О. Ю., Ковалева О. Н., Хлесткина Е. К.</i> Исследование признака черной окраски зерновки ячменя с использованием материала биоресурсных коллекций.....	61
<i>Гультияева Е. И.</i> Генетическое разнообразие российских сортов мягкой пшеницы по устойчивости к бурой ржавчине.....	62
<i>Гурина А. А., Заварихина Е. А.</i> Динамика периода покоя клубней у примитивных культурных видов картофеля из коллекции ВИР.....	64
<i>Гучетль С. З., Челюстникова Т. А., Волошко А. А.</i> Изучение генетического разнообразия линий подсолнечника ВНИИМК с помощью молекулярных маркеров....	66

Должикова М. А., Павленко А. А. Использование SSR-маркеров для генетической паспортизации отечественных сортов смородины красной (<i>Ribes rubrum</i> L.).....	68
Дунаева С. Е., Ефремова О. С., Камнев А. М., Тихонова О. А., Орлова С. Ю., Семенова Л. Г., Гавриленко Т. А. <i>In vitro</i> коллекция ВИР образцов ягодных и плодовых культур умеренного климата.....	70
Еремин В. Г., Еремин Г. В. Пребридинг генофонда косточковых плодовых культур в селекции клоновых подвоев.....	72
Еремина О. В., Сивоплясов В. И., Еремин В. Г. Влияние подвойных форм различного эколого-географического происхождения на качественные характеристики деревьев черешни сорта Александрия.....	74
Ермолаева Л. В., Тихонова Н. Г. Результаты изучения устойчивости жимолости к тлям на Северо-Западе России.....	76
Ермолаева Л. В., Хмелинская Т. В. Устойчивость генофонда <i>Daucus carota</i> L. к вредителям и болезням.....	78
Ершова И. В. Биоактивные компоненты сибирских плодов и ягод.....	79
Заварихина Е. А., Алпатьева Н. В., Rogozina E. B. Оценка аллельного состояния <i>Rpi</i> генов у родительских форм по характеру расщепления ДНК-маркеров у F ₁ гибридов картофеля.....	81
Заикина Е. А., Кулуев Б. Р. Роль генов транскрипционных факторов в устойчивости мягкой пшеницы к засухе.....	83
Камнев А. М., Антонова О. Ю. Разработка новых ретротранспозонных маркеров для изучения генетического разнообразия рода <i>Rubus</i> L.	85
Козлов В. А., Чашинский А. В., Русецкий Н. В., Михалькович И. А., Семанюк Т. В., Башко Д. В. Пополнение коллекции межвидовых гибридов картофеля в республике Беларусь.....	87
Колесова М. А., Лысенко Н. С., Тырышкин Л. Г. Ювенильная устойчивость образцов диких видов рода <i>Triticum</i> L. из коллекции ВИР к грибным болезням.....	89
Куземкин И. А., Рожмина Т. А. Комплексное изучение образцов масличного льна в условиях Центрального Нечерноземья.....	91
Кулаков Ю. В., Домблides Е. А. Вторичный эмбриогенез в культуре изолированных микроспор <i>in vitro</i> моркови столовой (<i>Daucus carota</i> L.).....	93
Кулуев А. Р., Кулуев Б. Р., Чемерис А. В. Изучение филогении <i>Triticum sinskajae</i> через призму хлоропластного генома.....	95
Лукина К. А., Ковалева О. Н., Поротников И. В. Идентификация генов короткостебельности у образцов ячменя коллекции ВИР.....	97
Маннапова Г. С., Пономарев С. Н., Пономарева М. Л., Сайфутдинова Д. Д. Изучение генетических коллекций озимой ржи и тритикале по устойчивости к абиотическим стрессам.....	99
Митрофанова О. П., Хакимова А. Г., Дементьев А. В. Информационный ресурс коллекции озимой мягкой пшеницы ВИР для внедрения цифровых технологий и развития 5Gs.....	100
Михайлова А. С., Соколова Д. В., Попов В. С., Швачко Н. А. Ресеквенирование аллелей ключевых генов биосинтеза беталаинов у свеклы столовой (<i>Beta vulgaris</i> L.) коллекции ВИР.....	102
Моисеева Е. М., Гусев Ю. С., Гуторова О. В., Чумаков М. И. Анализ образцов из саратовской коллекции кукурузы по генам и белкам, связанных с автономным эмбрио-, эндоспермогенезом.....	104
Мусин Х. Г., Тазетдинов Р. А., Гумерова Г. Р., Баймухаметова Э. А., Кулуев Б. Р. Изучение роли гена <i>ARGOS-LIKE</i> в регуляции стрессоустойчивости в волосовидных корнях табака.....	106
Наумова Л. Г., Ганич В. А. Изучение генетических ресурсов донских аборигенных сортов винограда на коллекции в Нижнем Придолье.....	108
Невоструева Е. Ю., Макаренко С. А. Признаковые коллекции земляники садовой в селекции на Урале.....	110

Орловская О. А., Вакула С. И., Яцевич К. К., Хотылева Л. В., Кильчевский А. В. Содержание белка в зерне у генотипов пшеницы с различными аллелями генов <i>NAM-A1</i> и <i>NAM-B1</i>	111
Павленко А. А., Должикова М. А. Применение микросателлитных маркеров при составлении генетических паспортов черной смородины (<i>Ribes nigrum</i> L.) из коллекции ВНИИСПК.....	113
Пискунова Т. М., Мутьева З. Ф. Скрининг генетических ресурсов <i>Cucurbita</i> L. коллекции ВИР по устойчивости к ложной мучнистой росе.....	115
Пономарев С. Н., Пономарева М. Л., Гараева Н. Ш. Роль генофонда ВИР в селекции озимой тритикале на продуктивность, зимостойкость и качество зерна в условиях Среднего Поволжья.....	117
Пономарева М. Л., Пономарев С. Н., Маннапова Г. С., Гильмуллина Л. Ф., Сайфутдинова Д. Д. Генетические ресурсы озимой ржи для решения фундаментальных и прикладных селекционных задач.....	119
Поротников И. В., Антонова О. Ю., Митрофанова О. П. Эффективность маркеров гена SKR в идентификации легко скрещивающихся с рожью форм мягкой пшеницы....	121
Радченко Е. Е., Абдуллаев Р. А., Акимова Д. Е., Зайцева И. Ю. Устойчивость образцов местного ячменя из Монголии к обыкновенной злаковой тле.....	123
Рамазанова С. А., Савиченко В. Г. Анализ полиморфизма микросателлитных локусов ДНК для генотипирования сои методом капиллярного электрофореза.....	124
Розанова И. В., Григорьев Ю. Н., Ефимов В. М., Игошин А. В., Хлесткина Е. К. Анализ локусов, ассоциированных с признаками продуктивности ячменя.....	125
Рожмина Т. А., Жученко А. А. Формирование генетической коллекции льна и ее использование в селекции.....	126
Романова О. В. ДН-технологии в роде <i>Allium</i> L.	128
Рыбаков Д. Р., Антонова О. Ю., Черемисин А. И., Гавриленко Т. А. Номенклатурные стандарты сортов картофеля селекции Омского аграрного научного центра в коллекции ВИР.....	130
Саликова А. В. (Кушнарцева А. В.). Изменчивость состава алкалоидов в люпине узколистном (<i>Lupinus angustifolius</i> L.) в условиях Ленинградской области.....	132
Тырышкин Л. Г. Лабильность вирулентности фитопатогенных грибов: следствия для практики.....	133
Чепинога И. С., Тихонова А. В. Биологический потенциал иммунных к парше сортов яблони в генетической коллекции Крымской ОСС филиала ВИР.....	135
Чуманова Е. В., Ефремова Т. Т. Изучение изогенной линии сорта Безостая 1 с доминантным аллелем <i>VRN-A1L</i>	137
Шерстобитов В. В. Устойчивость сортов сливы домашней селекции МОС ВИР к кластероспориозу.....	140
Эльконин Л. А., Геращенко Г. А., Борисенко Н. В., Кенжегулов О. А., Сарсенова С. Х., Панин В. М. Создание новых образцов сорго с улучшенной питательной ценностью на основе геномного редактирования.....	142
Секция 3. ПРИКЛАДНЫЕ ИССЛЕДОВАНИЯ ГЕНЕТИЧЕСКИХ РЕСУРСОВ РАСТЕНИЙ	144
Белов С. Н. Улучшенный способ введения в культуру <i>in vitro</i> неопыленных семяпочек огурца (<i>Cucumis sativus</i> L.).....	145
Бутовец Е. С., Васина Е. А., Лукьянчук Л. М. Результаты изучения генофонда сои для селекционных целей.....	146
Домблидес Е. А., Домблидес А. С. Использование биотехнологических методов для селекции овощных культур в ФГБНУ ФНЦО.....	148
Ермолаев А. С., Широкова А. В., Домблидес Е. А. Различия особенностей пыльцы и опушения черешков листьев как маркерные признаки ploидности растений гиногенных линий кабачка <i>in vitro</i>	150
Ефремова Т. Т. Зимо- морозостойкость пшенично-ржаных 5R(5A) замещенных линий, различающихся аллелями гена чувствительности к яровизации.....	152

Заячкова Т. В., Степанов В. А. Создание ms- и mf- линий редиса на основе ядерно-цитоплазматической мужской стерильности для селекции на гетерозис.....	154
Зубко О. Н., Монахос С. Г. Интрогрессия генов устойчивости к сосудистому бактериозу (Возб. <i>X. campestris</i> pv. <i>campestris</i>) в капусту белокочанную (<i>B. oleracea</i> L.)	156
Канапин А. А., Банкин М. П., Самсонова А. А., Рожмина Т. А., Самсонова М. Г. Районы генома, ассоциированные с устойчивостью к фузариозному увяданию у льна..	157
Киселева А. А., Бережная А. А., Леонова И. Н., Салина Е. А. Полногеномный анализ ассоциаций для изучения содержания белка в зерне мягкой пшеницы.....	158
Козарь Е. В. Особенности эмбриогенеза редиса европейского в культуре микроспор <i>in vitro</i>	160
Корнюхин Д. Л., Артемьева А. М., Шумилина Д. В. Изучение удвоенных гаплоидов репы корнеплодной, полученных на основе материала из коллекции ВИР.....	162
Лукьянчук Л. М., Бутовец Е. С., Васина Е. А. Влияние патогена <i>Septoria glycines</i> <i>Netti</i> на формирование урожайности и биохимических показателей сои в условиях Приморского края.....	163
Мамадова Х. Р., Фирсова М. Р., Хакулова М. Ю., Хатефов Э. Б. Селекционная оценка реакции на ЦМС у линий кукурузы селекции нии земледелия Азербайджана.....	165
Миرونенко Н. В., Хютти А. В., Лашина Н. М., Афанасенко О. С. Аллельный полиморфизм таргетного участка взаимодействия с виридом гена <i>StTCP23</i> у сортов картофеля.....	167
Монахос С. Г., Вишнякова А. В., Сеницына А. А. Эмбриогенез и прорастание микроспорогенных эмбриоидов растений <i>Brassica</i> : генотипспецифичность и внешние факторы.....	168
Пендинен Г. И., Пюккенен В. П., Митрофанова О. П. Цитогенетическая характеристика форм пшеничного типа, отобранных в потомстве гибридов от скрещивания мягкой пшеницы из Китая с рожью посевной.....	169
Попова А. С., Старухина А. О., Матвеева С. В., Зайцев В. Г. Взаимосвязь генетического профиля с зеленой и красной окраской листьев у сортов салата посевого.....	171
Реколославская Н. И., Салаяев Р. К., Столбиков А. С. Генно-инженерные методологии для расширения генетических ресурсов растений.....	173
Семилет Т. В., Ковалева О. Н., Швачко Н. А. Определение аллельных комбинаций генов <i>VRN</i> ячменя зарубежной и отечественной селекции.....	175
Соловьева М. В., Розанова И. В., Швачко Н. А. Выявление селекционно значимых локусов пшеницы мягкой яровой полногеномным анализом ассоциаций.....	177
Таипова Р. М., Кулуев Б. Р. Изменение белково-липидного состава семян у мутантных форм амаранта <i>Amaranthus cruentus</i> L.	179
Тукусер Я. П. Микроклональное размножение томата дикого вида (<i>Solanum pennellii</i> Cor.).....	181
Ульянов А. В., Карлов А. В., Хатефов Э. Б. Создание эффективных гаплоиндукторов кукурузы для гибридной селекции.....	183
Чумакова В. В., Чумаков В. Ф., Деревянникова М. В., Миронова Т. М. Генофонд ресурсов многолетних злаковых трав и его использование в селекции на Северном Кавказе.....	184
Шепелев С. С., Потоцкая И. В., Чурсин А. С., Кузьмин О. Г., Пожерукова В. Е., Айдаров А. Н., Ессе С. А., Кошкин М. Н., Шаманин В. П. Идентификация <i>SNP</i> -локусов у сортов яровой мягкой пшеницы международной программы КАСИБ.....	186
ОТДЕЛЫ ВИР: ИСТОРИЯ И СОВРЕМЕННОСТЬ	189
Артемьева А. М. Отдел генетических ресурсов овощных и бахчевых культур: история и современность.....	191
Багмет Л. В., Чухина И. Г. Гербаризация коллекций ВИР.....	194
Буренин В. И. Все начиналось в Пушкинских лабораториях ВИР.....	195
Вишнякова М. А. Отдел генетических ресурсов зернобобовых культур.....	198

<i>Гавриленко Т. А., Дунаева С. Е., Пендинен Г. И.</i> История отдела биотехнологии ВИР, 1983–2022 гг.	201
<i>Зуев Е. В., Митрофанова О. П., Ляпунова О. А., Чикида Н. Н.</i> Основные аспекты работы с коллекциями отдела генетических ресурсов пшеницы ВИР.....	205
<i>Конарев А. В.</i> Отдел молекулярной биологии в Пушкинских лабораториях ВИР. (1967–2022 гг.).....	209
<i>Косарева И. А.</i> История отдела физиологии растений.....	211
<i>Кутузова С. Н., Дубовская А. Г.</i> История и современность Отдела генетических ресурсов масличных и прядильных культур.....	214
<i>Лоскутов И. Г.</i> Мировые коллекции генетических ресурсов ячменя, овса и ржи.....	216
<i>Малышев Л. Л.</i> Многолетние кормовые культуры в коллекции ВИР.....	218
<i>Новикова Л. Ю.</i> Базы данных генетических ресурсов растений и их анализ в Отделе автоматизированных информационных систем ВИР.....	219
<i>Озерская Т. М.</i> Отдел интродукции.....	221
<i>Радченко Е. Е., Анисимова И. Н.</i> Генетические исследования в Пушкинских лабораториях ВИР.....	222
<i>Рогозина Е. В.</i> Отдел генетических ресурсов картофеля.....	225
<i>Тихонова Н. Г.</i> Генетические ресурсы плодовых культур ВИР: сбор, сохранение и изучение.....	227
<i>Швачко Н. А., Крылова Е. А., Розанова И. В., Рахмангулов Р. С., Михайлова А. С., Семилет Т. В., Смирнова Н. В., Соловьева М. В., Ульянов А. В., Иноземцева А. В., Ихнова В. Н., Хлесткина Е. К.</i> Геномные и постгеномные технологии в изучении образцов из коллекции ВИР.....	229
Издания, посвященные истории Пушкинских лабораторий ВИР.....	231
Алфавитный указатель авторов	232

CONTENTS

Program of the Conference <i>Plant Genetic Resources for Genetic Technologies: To the 100th Anniversary of Pushkin Laboratories of VIR</i>	14
SECTION 1. CONSERVATION OF COLLECTIONS OF PLANT GENETIC RESOURCES	25
<i>Avagyan A. E., Sargsyan G. Zh.</i> Strategic aspects of establishing seed collections of vegetable crops in Armenia.....	26
<i>Bulatova N. Sh.</i> Vavilov's vector for the cytogenetic study of bioresources.....	28
<i>Gavrilenko T. A.</i> Cultivated potato species in the VIR collection.....	29
<i>Kruchkov S. N., Solonkin A. V., Solomentseva A. S., Egorov S. A., Romanenko A. K.</i> Plants of the collection fund of the Federal Research Center of Agroecology of the RAS as sources of valuable features for a bioresource collection.....	30
<i>Kuleshov A. S.</i> Diversity of the genus <i>Citrus</i> L. in the collection of the FRC SSC RAS.....	32
<i>Mamedova S. M., Vishnyakova M. A.</i> Ecological and geographical diversity of beans (<i>Vicia faba</i> L.) in the VIR collection.....	34
<i>Matys I. S., Markevich I. M.</i> Conservation of plant genetic resources in the National Bank of Seeds of Belarus.....	36
<i>Nadzhodov B. B., Jumaev K. U., Nasyrova F. Yu.</i> "For it alone one should be in the Pamir" – Vavilov and his expeditions to the Pamir.....	38
<i>Pryvalau F. I., Grib S. I., Matys I. S.</i> National collection of plant genetic resources of the Republic of Belarus and the results of its use.....	41
<i>Sarikyan K. M., Grigoryan M. G.</i> The studies of some introduced wild relatives of eggplant in Armenia.....	43
<i>Fomina N. A., Gavrilenko T. A., Travina S. N.</i> Genetic diversity of Andean cultivated potato species preserved at the VIR Polar Experiment Station.....	45
SECTION 2. STUDY OF PLANT GENETIC RESOURCES	48
<i>Apanasova N. V., Belyachenko Yu. A., Gutorova O. V., Gosenova O. L., Smolkina Yu. V., Yudakova O. I.</i> Corn collection of Saratov State University: creation and prospects of use.....	49
<i>Babak O. G., Anisimova N. V., Nekrashevich N. A., Yatsevich K. K., Drozd E. V., Fateev D. A., Berensen F. A., Artemyeva A. M., Kilchevsky A. V.</i> The new polymorphism of <i>Capsicum MYB113-like</i> and <i>Brassica MYB114</i> genes in connection with the anthocyanine biosynthesis regulation.....	51
<i>Baimukhametova E. A., Berezheva Z. A., Musin Kh. G., Shvets D. Yu., Kuluev B. R.</i> Use of strain K599 <i>Agrobacterium rhizogenes</i> for obtaining transgenic plants.....	53
<i>Berezheva Z. A., Musin K. G., Kuluev B. R.</i> The role of the <i>PtrXTH1</i> gene in the regulation of stress resistance of transgenic tobacco plants in the hypothermia conditions.....	55
<i>Gainullina K. P., Rumyantsev S. D., Kuluev B. R.</i> The role of the transcription factor gene <i>ABI3</i> in the regulation of biosynthesis of pea seed storage protein.....	57
<i>Galimova A. A., Kuluev B. R.</i> Alleles of high molecular glutenin subunit loci in varieties of the Ante-Ural steppe zone common wheat (<i>Triticum aestivum</i> L.).....	59
<i>Glagoleva A. Y., Shoeva O. Y., Kovaleva O. N., Khlestkina E. K.</i> Investigation of black color of barley grain using plant genetic resources collections.....	61
<i>Gulyaeva E. I.</i> Genetic diversity of Russian common wheat cultivars in leaf rust resistance.....	62
<i>Gurina A. A., Zavarikhina E. A.</i> Tuber dormancy dynamics in primitive potato cultivars of the VIR collection.....	64
<i>Guchetl S. Z., Chelyustnikova T. A., Voloshko A. A.</i> Studying the genetic diversity of VNIIMK sunflower lines using molecular markers.....	66
<i>Dolzhikova M. A., Pavlenko A. A.</i> The use of SSR markers for genetic certification of domestic red currant cultivars (<i>Ribes rubrum</i> L.).....	68
<i>Dunaeva S. E., Efremova O. S., Kamnev A. M., Tikhonova O. A., Orlova S. Yu., Semenova L. G., Gavrilenko T. A.</i> <i>In vitro</i> collection of temperate berry and fruit crops accessions at VIR.....	70

<i>Eremin V. G., Eremin G. V.</i> Prebreeding the gene pool of stone fruit crops in the breeding of clone rootstocks.....	72
<i>Eremina O. V., Sivopliasov V. I., Eremin V. G.</i> Influence of rootstock forms of different ecological and geographical origin on the qualitative characteristics of Alexandria cherry trees.....	74
<i>Ermolaeva L. V., Tikhonova N. G.</i> Results of the study of honeysuckle resistance to aphids in the Northwest of Russia.....	76
<i>Ermolaeva L. V., Khmelinskaya T. V.</i> Resistance of the gene pool of <i>Daucus carota</i> L. to pests and diseases.....	78
<i>Ershova I. V.</i> Biologically active components of Siberian fruits and berries.....	79
<i>Zavarihina E. A., Alpat'eva N. V., Rogozina E. V.</i> Allele dosage of <i>Rpi</i> genes in parental forms detected by the result of DNA markers segregation study in F ₁ potato hybrids.....	81
<i>Zaikina E. A., Kuluev B. R.</i> The role of transcription factor genes in resistance of bread wheat to drought.....	83
<i>Kamnev A. M., Antonova O. Yu.</i> Development of new retrotransposon-based markers for studying of genetic diversity of <i>Rubus</i> L.	85
<i>Kozlov V., Chashinsky A., Rusetsky N., Mikhalkovich I., Semaniuk T., Basko D.</i> Replenishment of the collection of interspecific potato hybrids in the Republic of Belarus.....	87
<i>Kolesova M. A., Lysenko N. S., Tyryshkin L. G.</i> Seedling resistance to fungal diseases in accessions of wild <i>Triticum</i> L. species from the VIR collection.....	89
<i>Kuzemkin I. A., Rozhmina T. A.</i> Comprehensive study of oil flax samples under the conditions of the Central Non-Black Earth Region.....	91
<i>Kulakov Y. V., Domblides E. A.</i> Secondary embryogenesis of carrot (<i>Daucus carota</i> L.) in the culture of isolated microspores <i>in vitro</i>	93
<i>Kuluev A. R., Kuluev B. R., Chemeris A. V.</i> The study of <i>Triticum sinskajae</i> phylogeny through the prism of the chloroplast genome.....	95
<i>Lukina K. L., Kovaleva O. N., Porotnikov I. V.</i> Semi-dwarfing genes identification in VIR barley collection accessions.....	97
<i>Mannapova G. S., Ponomarev S. N., Ponomareva M. L., Sayfutdinova D. D.</i> Research of winter rye and triticale genetic collections for resistance to abiotic stresses.....	99
<i>Mitrofanova O. P., Khakimova A. G., Dementiev A. V.</i> Information resource of the VIR winter bread wheat collection for the implementation of digital technologies and the development of 5Gs.....	100
<i>Mikhailova A. S., Sokolova D. V., Popov V. S., Shvachko N. A.</i> The key betalain coding genes in table beet (<i>Beta vulgaris</i> L.) from the VIR collection.....	102
<i>Moiseeva E. M., Gusev Y. S., Gutorova O. V., Chumakov M. I.</i> Analysis of accessions from the Saratov maize collection for the genes and proteins associated with pollination-free embryo-endospermogenesis.....	104
<i>Musin K. G., Tazetdinov R. A., Gumerova G. R., Baimukhametova E. A., Kuluev B. R.</i> Study the role of the <i>ARGOS-LIKE</i> gene in the regulation of stress tolerance in hairy roots of tobacco.....	106
<i>Naumova L. G., Ganich V. A.</i> Studying the genetic resources of the Don native grape varieties in the collection in the Lower Don.....	108
<i>Nevostrueva E. Yu., Makarenko S. A.</i> Trait-specific collections of garden strawberry in the breeding in the Urals.....	110
<i>Orlovskaya O. A., Vakula S. I., Yatsevich K. K., Khotyleva L. V., Kilchevsky A. V.</i> Grain protein content in wheat genotypes with different <i>NAM-A1</i> and <i>NAM-B1</i> alleles.....	111
<i>Pavlenko A. A., Dolzhikova M. A.</i> The use of microsatellite markers in the mapping of genetic passports of black currants (<i>Ribes nigrum</i> L.) from the VNIISPK collection.....	113
<i>Piskunova T. M., Mutyeva Z. F.</i> Screening of genetic resources of <i>Cucurbita</i> L. from the VIR collection for resistance to downy mildew.....	115
<i>Ponomarev S. N., Ponomareva M. L., Garaeva N. Sh.</i> The role of VIR's gene pool in winter triticale breeding for productivity, winter hardiness and grain quality in the Middle Volga Region.....	117

<i>Ponomareva M. L., Ponomarev S. N., Mannapova G. S., Gilmullina L. F., Sayfutdinova D. D.</i> Genetic resources of winter rye for fundamental and applied breeding purposes.....	119
<i>Porotnikov I. V., Antonova O. Yu., Mitrofanova O. P.</i> Efficiency of SKR gene markers in identification of crossable common wheat forms with rye.....	121
<i>Radchenko E. E., Abdullaev R. A., Akimova D. E., Zajtseva I. Yu.</i> Greenbug resistance in barley landraces from Mongolia.....	123
<i>Ramazanova S. A., Savichenko V. G.</i> Analysis of polymorphism of microsatellite loci of DNA for soybean genotyping by a method of capillary electrophoresis.....	124
<i>Rozanova I. V., Grigoriev Y. N., Efimov V. M., Igoshin A. V., Khlestkina E. K.</i> Search for loci associated with productivity traits in barley.....	125
<i>Rozhmina T. A., Zhuchenko A. A.</i> Formation of flax genetic collection and its use in breeding	126
<i>Romanova O. V.</i> DH-technologies in the genus <i>Allium</i> L.	128
<i>Rybakov D. A., Antonova O. Yu., Cheremisin A. I., Gavrilenko T. A.</i> Nomenclature standards of potato varieties bred at Omsk Agricultural Scientific Center in the VIR collection.....	130
<i>Salikova A. V. (Kushnareva A. V.).</i> Variability of alkaloid composition in narrow-leaved lupine (<i>Lupinus angustifolius</i> L.) in Leningrad Region conditions.....	132
<i>Tyryshkin L. G.</i> Lability of virulence in phytopathogenic fungi: consequences for practice	133
<i>Chepinoga I. S., Tikhonova A. V.</i> Biological potential of apple varieties immune to scab in the genetic collection of the Krymsk EBS of VIR.....	135
<i>Chumanova E. V., Efremova T. T.</i> Study of isogenic line of Bezostaya 1 cultivar with dominant allele <i>VRN-A1L</i>	137
<i>Sherstobitov V. V.</i> Resistance to clasterosporiosis in common plum cultivars bred at Maikop Experiment Station of VIR.....	140
<i>Elkonin L. A., Gerashchenkov G. A., Borisenko N. V., Kenzhegulov O. A., Sarsenova S. Kh., Panin V. M.</i> Development of new accessions of grain sorghum with improved nutritional value using genome editing.....	142
SECTION 3. APPLIED RESEARCH OF PLANT GENETIC RESOURCES.....	144
<i>Belov S. N.</i> Improved method for isolation of unpollinated ovules <i>in vitro</i> of cucumber (<i>Cucumis sativus</i> L.).....	145
<i>Butovets E. S., Vasina E. A., Lukyanchuk L. M.</i> Results of the study on the soybean gene pool for breeding purposes.....	146
<i>Domblides E. A., Domblides A. S.</i> The use of biotechnological methods for the breeding of vegetable crops in the FSBSI FSVC.....	148
<i>Ermolaev A. S., Shirokova A. V., Domblides E. A.</i> Differences in the features of pollen and pubescence of leaves as marker traits of plants in gynogenic zucchini lines <i>in vitro</i>	150
<i>Efremova T. T., Chumanova E. V., Zhukova I. M.</i> Cold hardiness of wheat-rye 5R(5A) substituted lines differing in vernalization alleles.....	152
<i>Zayachkovskaya T. V., Stepanov V. A.</i> Production of ms- and mf-lines of radish based on nuclear cytoplasmic male sterility for heterosis breeding.....	154
<i>Zubko O. N., Monakhos S. G.</i> Introgression of black rot (Path. <i>X. campestris</i> pv. <i>campestris</i>) resistance genes into white cabbage (<i>B. oleracea</i> L.).....	156
<i>Kanapin A. A., Bankin M. P., Samsonova A. A., Rozhmina T. A., Samsonova M. G.</i> Genomic regions associated with fusarium wilt resistance in flax.....	157
<i>Kiseleva A. A., Berezhnaya A. A., Leonova I. N., Salina E. A.</i> Genome-wide association analysis to study protein and gluten content in common wheat grain.....	158
<i>Kozar E. V.</i> Peculiarities of European radish embryogenesis in microspore culture <i>in vitro</i>	160
<i>Kornyukhin D. L., Artyemyeva A. M., Shumilina D. V.</i> Study of double haploids of the turnip obtained on the basis of material from the VIR collection.....	162
<i>Lukyanchuk L. M., Butovets E. S., Vasina E. A.</i> The effect of <i>Septoria glycines</i> Hemmi on yield and biochemical parameters in soybean under the conditions of Primorsky Territory.....	163
<i>Mamadova Kh. R., Firsova M. R., Khakulova M. Yu., Khatefov E. B.</i> Breeding evaluation of the response to CMS in corn breeding lines of the Azerbaijan Agricultural Research Institute	165

<i>Mironenko N. V., Khutti A. V., Lashina N. M., Afanassenko O. S.</i> Allelic polymorphism of the targeted site of interaction with the viroid of the <i>StTCP23</i> gene in potato varieties.....	167
<i>Monakhos S. G., Vishnyakova A. V., Sinitsyna A. A.</i> <i>Brassica</i> microspore embryogenesis and embryo germination: genotype specificity and external factors.....	168
<i>Pendinen G. I., Pyukkenen V. P., Mitrofanova O. P.</i> Cytogenetic characteristic of wheat-type forms obtained in progeny of crosses between bread wheat from China and cultivated rye.....	169
<i>Popova A. S., Staruhina A. O., Matveeva S. V., Zaitsev V. G.</i> Relationship of genetic profiles with green and red colour of leaves in lettuce varieties.....	171
<i>Rekoslavskaya N. I., Salyaev R. K., Stolbikov A. S.</i> Genetic engineering methodologies for expanding of plant genetic resources.....	173
<i>Semilet T. V., Kovaleva O. N., Shvachko N. A.</i> Determination of allele combinations of <i>VRN</i> genes in barley of foreign and domestic breeding.....	175
<i>Solovyeva M. V., Rozanova I. V., Shvachko N. A.</i> Identification of breeding-oriented loci of spring bread wheat by genome-wide association studies.....	177
<i>Taipova R. M., Kuluev B. R.</i> Changes in the protein-lipid composition of seeds in mutant forms of <i>Amaranthus cruentus</i> L.	179
<i>Tukuser Y. P.</i> Microclonal propagation of wild type tomato (<i>Solanum pennellii</i> Cor.).....	181
<i>Ulyanov A. V., Karlov A. V., Khatefov E. B.</i> Creation of effective corn haploinductors for hybrid breeding.....	183
<i>Chumakova V. V., Chumakov V. F., Derevyannikova M. V., Mironova T. M.</i> Gene pool of resources of perennial grasses and its use in breeding in the North Caucasus.....	184
<i>Shepelev S. S., Pototskaya I. V., Chursin A. S., Kuzmin O. G., Pozherukova V. E., Aydarov A. N., Esse S. A., Koshkin M. N., Shamanin V. P.</i> Identification of SNP loci of spring bred wheat varieties of the international program KASIB.....	186
VIR's DEPARTMENTS: HISTORY AND MODERNITY	189
<i>Artemyeva M. A.</i> Department of Vegetable and Cucurbit crops: traditions and perspectives... ..	191
<i>Bagmet L. V., Chukhina I. G.</i> Herbarization of VIR collections.....	194
<i>Burenin V. I.</i> It all started in Pushkin Laboratories of VIR.....	195
<i>Vishnyakova M. A.</i> Department of Grain Legume Genetic Resources.....	198
<i>Gavrilenko T. A., Dunaeva S. E., Pendinen G. I.</i> History of VIR's Biotechnology Department, 1983–2022.....	201
<i>Zuev E. V., Mitrofanova O. P., Lyapunova O. A., Chikida N. N.</i> The main aspects of working with the collections of VIR's Wheat Department.....	205
<i>Konarev A. V.</i> The Department of Molecular Biology at Pushkin Laboratories of VIR, 1967–2022.....	209
<i>Kosareva I. A.</i> History of VIR's Department of Plant Physiology.....	211
<i>Kutuzova S. N., Dubovskaya A. G.</i> History and modernity of the Department of Genetic Resources of Oilseeds and Fiber Crops.....	214
<i>Loskutov I. G.</i> Global collections of genetic resources of barley, oats and rye.....	216
<i>Malyshev L. L.</i> Perennial fodder crops in the collection of VIR.....	218
<i>Novikova L. Yu.</i> PGR databases and their analysis at the Department of Automated Information Systems of VIR.....	219
<i>Ozerskaya T. M.</i> Plant Introduction Department.....	221
<i>Radchenko E. E., Anisimova I. N.</i> Genetic studies in Pushkin Laboratories of VIR.....	222
<i>Rogozina E. V.</i> Department of Potato Genetic Resources.....	225
<i>Tikhonova N. G.</i> Fruit crop genetic resources of VIR: collection, conservation and study.....	227
<i>Shvachko N. A., Krylova E. A., Rozanova I. V., Rakhmangulov R. S., Mikhailova A. S., Semilet T. V., Smirnova N. V., Solovieva M. V., Ulyanov A. V., Inozemtseva A. V., Ikhnova V. N., Khlestkina E. K.</i> Genomic and post-genome technologies in the study of accessions from the VIR collection.....	229
Publications dedicated to the history of the Pushkin Laboratories of VIR.....	231
Alphabetical index of authors	232

ПРОГРАММА

Конференции «Генетические ресурсы растений для генетических технологий: к 100-летию Пушкинских лабораторий ВИР»,

22–23 июня 2022 г., Санкт-Петербург

22 июня 2022 г.

Помпейский зал

Модераторы: *О. С. Афанасенко, Ф. И. Привалов, И. Г. Лоскутов, Ю. В. Ухатова*

9:00 – 9:20. Открытие конференции

9:20 – 9:40. *Лоскутов Игорь Градиславович*, доктор биологических наук, главный научный сотрудник отдела генетических ресурсов овса, ржи, ячменя, заведующий лабораторией «Национальный цифровой генбанк», Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова, Санкт-Петербург, Россия. **Пушкинские лаборатории ВИР – начало сети эколого-географических испытаний образцов коллекции**

9:40 – 10:00. *Привалов Федор Иванович*, член-корреспондент НАН Беларуси, доктор сельскохозяйственных наук, профессор, генеральный директор (содокладчики: *Гриб Станислав Иванович*, академик НАН Беларуси, доктор сельскохозяйственных наук, профессор, главный научный сотрудник; *Матыс Ирина Станиславовна*, кандидат сельскохозяйственных наук, доцент, руководитель отдела генетических ресурсов растений). РУП «Научно-практический центр НАН Беларуси по земледелию», Жодино, Республика Беларусь. **Национальная коллекция генетических ресурсов растений республики Беларусь и результаты ее использования**

10:00 – 10:20. *Ухатова Юлия Васильевна*, кандидат биологических наук, заместитель директора по научно-организационной работе, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова, Санкт-Петербург, Россия. **Создание Национального центра генетических ресурсов растений в России**

10:20 – 10:40. *Афанасенко Ольга Сильвестровна*, академик РАН, доктор биологических наук, профессор, руководитель лаборатории иммунитета растений к болезням, Всероссийский научно-исследовательский институт защиты растений, Пушкин, Санкт-Петербург, Россия. **Роль Всероссийского научно-исследовательского института защиты растений в изучении генетических ресурсов устойчивости зерновых культур к болезням**

10:40 – 10:55. Кофе-брейк

11:00 – 11:20. *Кулуев Булат Разяпович*, доктор биологических наук, профессор, заместитель руководителя по научной и инновационной работе, Уфимский федеральный исследовательский центр Российской академии наук, Уфа, Республика Башкортостан, Россия. **Редактирование геномов представителей трибы Пшеницевые с использованием системы CRISPR/Cas**

11:20 – 11:40. *Супрун Иван Иванович*, кандидат биологических наук, ведущий научный сотрудник лаборатории «Национальный цифровой генбанк», Федеральный

исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова, Санкт-Петербург, Россия; заведующий функциональным научным центром «Селекции и питомниководства», Северо-Кавказский федеральный научный центр садоводства, виноградарства, виноделия, Краснодар, Россия. **Использование молекулярно-генетических методов для отбора комплексных доноров генов хозяйственно ценных признаков яблони** (online)

11:40 – 12:00. *Монахос Сократ Григорьевич*, доктор сельскохозяйственных наук, доцент, заведующий кафедрой ботаники, селекции и семеноводства садовых растений, Российский государственный аграрный университет – МСХА им. К.А. Тимирязева, Москва, Россия. **Эмбриогенез и прорастание микроспорогенных эмбрионидов растений *Brassica*: генотипспецифичность и внешние факторы** (online)

12:00 – 14:00. Обед

Секция 1. Сохранение коллекций генетических ресурсов растений

Помпейский зал

Модераторы: М. А. Вишнякова, А. М. Артемьева, И. Г. Чухина

14:00 – 14:15. *Новикова Любовь Юрьевна*, доктор сельскохозяйственных наук, ведущий научный сотрудник отдела автоматизированных информационных систем генетических ресурсов растений, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова, Санкт-Петербург, Россия. **От баз данных к дата-платформе ГРР**

14:15 – 14:30. *Конарев Алексей Васильевич*, доктор биологических наук, главный научный сотрудник отдела биохимии и молекулярной биологии, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова, Санкт-Петербург, Россия. **Роль Пушкинских лабораторий ВИР в создании стандартных методов контроля качества и идентификации сортов** (online)

14:30 – 14:45. *Рожмина Татьяна Александровна*, доктор биологических наук, заведующая лабораторией селекционных технологий обособленного подразделения Института льна, Федеральный научный центр лубяных культур, Торжок, Россия. **Формирование генетической коллекции льна и ее использование в селекции** (online)

14:45 – 15:00. *Рыбаков Даниил Александрович*, младший научный сотрудник лаборатории молекулярной селекции и ДНК-паспортизации, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова, Санкт-Петербург, Россия. **Номенклатурные стандарты и генетические паспорта сортов картофеля российской селекции**

15:00 – 15:15. *Сарикян Карине Мироновна*, кандидат сельскохозяйственных наук, Научный центр овощебахчевых и технических культур Министерства экономики Республики Армения, с. Даракерт, Республика Армения. **Изучение некоторых интродуцированных диких сородичей баклажана в Армении**, (online)

15:15 – 15:25. *Кулешов Александр Сергеевич*, младший научный сотрудник, Федеральный исследовательский центр «Субтропический научный центр Российской академии наук», Сочи, Россия. **Разнообразие рода *Citrus* L. в коллекции ФИЦ СЦ РАН**

15:25 – 15:35. *Булатова Нина Шамильевна*, кандидат биологических наук, Институт проблем экологии и эволюции им А.Н. Северцова Российской академии наук, Москва, Россия. **Вавиловский вектор цитогенетического изучения биоресурсов**

15:35 – 15:45. *Соломенцева Александра Сергеевна*, кандидат сельскохозяйственных наук, Федеральный научный центр агроэкологии, комплексных мелиораций и защитного лесоразведения Российской академии наук, Волгоград, Россия. **Растения коллекционного фонда ФНЦ агроэкологии РАН как источники ценных признаков для биоресурсной коллекции (online)**

15:50 – 16:00. Кофе-брейк

Секция 2. Изучение генетических ресурсов растений

Помпейский зал

Модераторы: Т. В. Шеленга, О. Ю. Антонова, И. Н. Анисимова

16:00 – 16:15. *Мироненко Нина Васильевна*, доктор биологических наук, ведущий научный сотрудник лаборатории иммунитета растений к болезням Всероссийский научно-исследовательский институт защиты растений, Санкт-Петербург, Россия. **Аллельный полиморфизм таргетного участка взаимодействия с виридом гена *StTCP23* у сортов картофеля**

16:15 – 16:30. *Швачко Наталия Альбертовна*, кандидат биологических наук, старший научный сотрудник лаборатории постгеномных исследований, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова, Санкт-Петербург, Россия. **Создание идентифицированного генофонда и платформы для геномной селекции широкого спектра культур**

16:30 – 16:45. *Гультяева Елена Ивановна*, доктор биологических наук, ведущий научный сотрудник Всероссийский научно-исследовательский институт защиты растений, Санкт-Петербург, Россия. **Генетическое разнообразие российских сортов пшеницы по устойчивости к бурой ржавчине**

16:45 – 17:00. *Бабак Ольга Геннадьевна*, кандидат биологических наук, Институт генетики и цитологии Национальной академии наук Беларуси, Минск, Республика Беларусь. **Новый полиморфизм генов *Myb113-like* рода *Capsicum* и *Myb114* рода *Brassica* в связи с регуляцией биосинтеза антоцианов**

17:00 – 17:15. *Чумаков Михаил Иосифович*, доктор биологических наук, заведующий лабораторией биоинженерии, Институт биохимии и физиологии растений и микроорганизмов, Саратовский научный центр Российской академии наук, Саратов, Россия. **Анализ образцов из саратовской коллекции кукурузы по генам и белкам, связанных с автономным эмбрио-, эндоспермогенезом**

17:15 – 17:25. *Гучетль Саида Заурбиевна*, кандидат биологических наук, ведущий научный сотрудник, Федеральный научный центр «Всероссийский научно-исследовательский институт масличных культур имени В.С. Пустовойта», Краснодар, Россия. **Изучение генетического разнообразия линий подсолнечника ВНИИМК с помощью молекулярных маркеров**

17:25 – 17:40. *Поротников Игорь Владимирович*, младший научный сотрудник лаборатории молекулярной селекции и ДНК-паспортизации, Федеральный исследовательский центр

Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова, Санкт-Петербург, Россия. **Эффективность маркеров гена *SKR* в идентификации легко скрещивающихся с рожью форм мягкой пшеницы**

17:40 – 17:50. Кофе-брейк

17:50 – 18:40. Краткие сообщения (по 5–7 минут)

Камнев Антон Михайлович, младший научный сотрудник лаборатории молекулярной селекции и ДНК-паспортизации, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова, Санкт-Петербург, Россия. **Разработка новых ретротранспозонных маркеров для изучения генетического разнообразия рода *Rubus* L.**

Башко Диана Владимировна, научный сотрудник, РУП «Научно-практический центр Национальной академии наук Беларуси по картофелеводству и плодоовощеводству», аг. Самохваловичи, Республика Беларусь. **Пополнение коллекции межвидовых гибридов картофеля в Республике Беларусь**

Кулуев Азат Разяпович, кандидат биологических наук, научный сотрудник, Институт биохимии и генетики – обособленное структурное подразделение Уфимского федерального исследовательского центра Российской академии наук, Уфимский федеральный исследовательский центр Российской академии наук, Уфа, Республика Башкортостан, Россия. **Изучение филогении *Triticum sinskajae* через призму хлоропластного генома**

Заикина Евгения Александровна, кандидат биологических наук, научный сотрудник, Институт биохимии и генетики – обособленное структурное подразделение Уфимского федерального исследовательского центра Российской академии наук, Уфимский федеральный исследовательский центр Российской академии наук, Уфа, Республика Башкортостан, Россия. **Роль генов транскрипционных факторов в устойчивости мягкой пшеницы к засухе**

Гайнуллина Карина Петровна, кандидат биологических наук, научный сотрудник, Институт биохимии и генетики – обособленное структурное подразделение Уфимского федерального исследовательского центра Российской академии наук, Уфимский федеральный исследовательский центр Российской академии наук, Уфа, Республика Башкортостан, Россия. **Роль гена транскрипционного фактора *ABI3* в регуляции биосинтеза запасных белков семян гороха**

Галимова Айзиля Айтугановна, кандидат биологических наук, научный сотрудник, Институт биохимии и генетики – обособленное структурное подразделение Уфимского федерального исследовательского центра Российской академии наук, Уфимский федеральный исследовательский центр Российской академии наук, Уфа, Республика Башкортостан, Россия. **Аллели локусов высокомолекулярных субъединиц глютенина у сортов мягкой пшеницы (*Triticum aestivum* L.) Предуральской степной зоны**

Савиченко Виолетта Георгиевна, младший научный сотрудник лаборатории молекулярно-генетических исследований, Федеральный научный центр «Всероссийский научно-исследовательский институт масличных культур имени В.С. Пустовойта», Краснодар, Россия. **Анализ полиморфизма микросателлитных локусов ДНК для генотипирования сои методом капиллярного электрофореза**

Пономарева Мира Леонидовна, доктор биологических наук, главный научный сотрудник, заведующий отделом селекции озимых культур, Татарский научно-исследовательский институт сельского хозяйства ФИЦ КазНЦ РАН, Казанский научный центр Российской академии наук, Казань, Республика Татарстан, Россия. **Генетические ресурсы озимой ржи для решения фундаментальных и прикладных селекционных задач**

Глаголева Анастасия Юрьевна, младший научный сотрудник, Федеральный исследовательский центр Институт цитологии и генетики Сибирского отделения Российской академии наук, Новосибирск, Россия. **Исследование признака черной окраски зерновки ячменя с использованием материала биоресурсных коллекций**

Гурина Алена Алексеевна, ведущий специалист отдела генетических ресурсов картофеля, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова, Санкт-Петербург, Россия. **Динамика периода покоя клубней у примитивных культурных видов картофеля из коллекции ВИР**

23 июня 2022 г.

Помпейский зал

Секция 3. Прикладные исследования генетических ресурсов растений

Модераторы: Л. А. Эльконин, М. Г. Самсонова, Ю. В. Ухатова

9:00 – 9:15. *Эльконин Лев Александрович*, доктор биологических наук, Федеральный аграрный научный центр Юго-Востока, Саратов, Россия. **Создание новых образцов сорго с улучшенной питательной ценностью на основе геномного редактирования и РНК-интерференции**

9:15 – 9:30. *Герасимова Софья Викторовна*, кандидат биологических наук, старший научный сотрудник, Федеральный исследовательский центр Институт цитологии и генетики Сибирского отделения Российской академии наук, Новосибирск, Россия. **Анализ транскриптомных данных, полученных на мутантах ячменя по гену *Nud* (online)**

9:30 – 9:45. *Розанова Ирина Вениаминовна*, научный сотрудник лаборатории постгеномных исследований, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова, Санкт-Петербург, Россия. **Анализ локусов, ассоциированных с признаками продуктивности ячменя**

9:45 – 10:00. *Крылова Екатерина Александровна*, научный сотрудник лаборатории постгеномных исследований, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова, Санкт-Петербург, Россия. **Гены-мишени для редактирования зернобобовых культур: гороха, вигны и сои**

10:00 – 10:15. *Банкин Михаил Петрович*, научный сотрудник, Санкт-Петербургский политехнический университет Петра Великого, Санкт-Петербург, Россия. **Районы генома, ассоциированные с устойчивостью к фузариозному увяданию у льна**

10:15 – 10:30. Кофе-брейк

10:30 – 10:45. *Домблидес Елена Алексеевна*, кандидат сельскохозяйственных наук, ведущий научный сотрудник, Федеральный научный центр овощеводства, Московская область, Россия. **Использование биотехнологических методов для селекции овощных культур в ФГБНУ ФНЦО**

10:45 – 10:55. *Корнюхин Дмитрий Львович*, научный сотрудник отдела генетических ресурсов овощных и бахчевых культур, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова, Санкт-Петербург, Россия. **Изучение удвоенных гаплоидов репы корнеплодной, полученных на основе материала из коллекции ВИР**

10:55 – 11:05. *Романова Ольга Витальевна*, кандидат сельскохозяйственных наук, младший научный сотрудник, Федеральный научный центр овощеводства, Московская область, Россия. **ДН-технологии в роде *Allium L.***

11:05 – 11:15. *Чумакова Вера Владимировна*, кандидат сельскохозяйственных наук, Северо-Кавказский федеральный научный аграрный центр, Саратов, Россия. **Генофонд ресурсов многолетних злаковых трав и его использование в селекции на Северном Кавказе (online)**

11:15 – 12:00. Краткие сообщения (по 5–7 минут)

Зубко Ольга Николаевна, кандидат сельскохозяйственных наук, ассистент кафедры ботаники, селекции и семеноводства садовых растений, Российский государственный аграрный университет – МСХА им. К.А. Тимирязева, Москва, Россия. **Интрогрессия генов устойчивости к сосудистому бактериозу (возб. *X. campestris pv. campestris*) в капусту белокочанную (*B. oleracea L.*)**

Козарь Елена Викторовна, младший научный сотрудник, Федеральный научный центр овощеводства, Московская область, Россия. **Особенности эмбриогенеза редиса европейского в культуре микроспор *in vitro***

Киселева Антонина Андреевна, кандидат биологических наук, научный сотрудник, Федеральный исследовательский центр Институт цитологии и генетики Сибирского отделения Российской академии наук, Новосибирск, Россия. **Полногеномный анализ ассоциаций для изучения содержания белка в зерне мягкой пшеницы**

Рекославская Наталия Игоревна, доктор биологических наук, главный научный сотрудник, Сибирский институт физиологии и биохимии растений Сибирского отделения Российской академии наук, Иркутск, Россия. **Генно-инженерные методологии для расширения генетических ресурсов растений**

12:00 – 12:30. Кофе-брейк

12:30 – 14:00. Организованный проезд автобусами в Пушкин

14:00 – 15:00. Обход научных посевов

15:00 – 15:30. Торжественная часть.

15:30 – 18:00. Культурная программа. Ужин.

ПОСТЕРНАЯ СЕССИЯ

Секция 1

Стенд 1. *Матыс И. С., Маркевич И. М.*, РУП «Научно-практический центр НАН Беларуси по земледелию», Жодино, Республика Беларусь. **Сохранение генетических ресурсов растений в национальном банке семян Беларуси**

Стенд 2. *Наджодов Б. Б.*, Российский государственный аграрный университет – МСХА им. К.А. Тимирязева, Москва, Россия. **«Ради нее одной надо было быть на Памире» – Н. И. Вавилов и его экспедиции на Памире**

Стенд 3. *Кулаков Ю. В.*, Федеральный научный центр овощеводства, Московская область, Россия. **Вторичный эмбриогенез в культуре изолированных микроспор *in vitro* моркови столовой (*Daucus carota* L.)**

Стенд 4. *Мамедова С. М., Вишнякова М. А.*, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова, Санкт-Петербург, Россия. **Эколого-географическое разнообразие бобов (*Vicia faba* L.) в коллекции ВИР**

Стенд 5. *Саликова А. В.*, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова, Санкт-Петербург, Россия. **Изменчивость состава алкалоидов в люпине узколистном (*Lupinus angustifolius* L.) в условиях Ленинградской области**

Секция 2

Стенд 6. *Дунаева С. Е.*, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова, Санкт-Петербург, Россия. ***In vitro* коллекция образцов ягодных и плодовых культур умеренного климата в генбанке ВИР**

Стенд 7. *Тырышкин Л. Г.*, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова, Санкт-Петербург, Россия. **Лабильность вирулентности фитопатогенных грибов: следствие для практики**

Стенд 8. *Павленко А. А.*, Всероссийский научно-исследовательский институт селекции плодовых культур, Орел, Россия. **Применение микросателлитных маркеров при составлении генетических паспортов черной смородины (*Ribes nigrum* L.) из коллекции ВНИИСПК**

Стенд 9. *Должикова М. А.*, Всероссийский научно-исследовательский институт селекции плодовых культур, Орел, Россия. **Использование *ssr*-маркеров для генетической паспортизации отечественных сортов смородины красной (*Ribes rubrum* L.)**

Стенд 10. *Баймухаметова Э. А.*, Институт биохимии и генетики – обособленное структурное подразделение Уфимского федерального исследовательского центра Российской академии наук, Уфимский федеральный исследовательский центр Российской академии наук, Уфа, Республика Башкортостан, Россия. **Использование штамма K599 *Agrobacterium rhizogenes* для получения трансгенных растений**

Стенд 11. *Мусин Х. Г.*, Институт биохимии и генетики – обособленное структурное подразделение Уфимского федерального исследовательского центра Российской академии наук, Уфимский федеральный исследовательский центр Российской академии наук, Уфа,

Республика Башкортостан, Россия. **Изучение роли гена *argos-like* в регуляции стрессоустойчивости в волосовидных корнях табака**

Стенд 12. *Заварихина Е. А.*, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова, Санкт-Петербург, Россия. **Оценка аллельного состояния *Rpi* генов у родительских форм по характеру расщепления ДНК-маркеров у F₁ гибридов картофеля**

Стенд 13. *Колесова М. А.*, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова, Санкт-Петербург, Россия. **Ювенильная устойчивость образцов диких видов рода *Triticum L.* из коллекции ВИР к грибным болезням**

Стенд 14. *Гараева Н. Ш.*, Татарский научно-исследовательский институт сельского хозяйства ФИЦ КазНЦ РАН, Казанский научный центр Российской академии наук, Казань, Республика Татарстан, Россия. **Роль генофонда ВИР в селекции озимой тритикале на продуктивность, зимостойкость и качество зерна в условиях среднего Поволжья**

Стенд 15. *Сайфутдинова Д. Д.*, Татарский научно-исследовательский институт сельского хозяйства КазНЦ РАН, Казанский научный центр Российской академии наук, Казань, Республика Татарстан, Россия. **Изучение генетических коллекций озимой ржи и тритикале**

Стенд 16. *Куземкин И. А.*, Ленинградская межобластная ветеринарная лаборатория, Санкт-Петербург, Россия. **Комплексное изучение образцов масличного льна в условиях Центрального Нечерноземья**

Стенд 17. *Чепинога И. С.*, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова, Крымская опытно-селекционная станция – филиал ВИР, Крымск, Россия. **Биологический потенциал иммунных к парше сортов яблони в генетической коллекции Крымской ОСС филиале ВИР для органического и ресурсосберегающего земледелия**

Стенд 18. *Еремина О. В.*, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова, Крымская опытно-селекционная станция – филиал ВИР, Крымск, Россия. **Влияние подвойных форм различного эколого-географического происхождения на качественные характеристики деревьев черешни сорта Александрия**

Стенд 19. *Еремин В. Г.*, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова, Крымская опытно-селекционная станция – филиал ВИР, Крымск, Россия. **Пребридинг генофонда косточковых плодовых культур в селекции клоновых подвоев**

Стенд 20. *Ермолаева Л. В.*, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова, Санкт-Петербург, Россия. **Результаты изучения устойчивости жимолости к тлям на Северо-Западе России**

Стенд 21. *Шерстобитов В. В.*, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова, Майкопская опытная станция – филиал ВИР, Майкоп, Россия. **Устойчивость сортов сливы домашней селекции МОС ВИР к клястероспориозу**

Стенд 22. *Юдакова О. И.*, Саратовский национальный исследовательский государственный университет имени Н.Г. Чернышевского, Саратов, Россия. **Коллекция кукурузы Саратовского государственного университета: создание и перспективы использования**

Секция 3

Стенд 1. *Ефремова Т. Т.*, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова, Санкт-Петербург, Россия. **Зимоморозостойкость пшенично-ржаных 5R(5A) замещенных линий, различающихся аллелями гена чувствительности к яровизации**

Стенд 2. *Таипова Р. М.*, Башкирский государственный университет, Уфа, Республика Башкортостан, Россия. **Изменение белково-липидного состава семян у мутантных форм амаранта *Amaranthus cruentus* L.**

Стенд 3. *Бережнева З. А.*, Уфимский федеральный исследовательский центр Российской академии наук, Уфа, Республика Башкортостан, Россия. **Роль гена *PtrXTH1* в регуляции стрессоустойчивости трансгенных растений табака в условиях гипотермии**

Стенд 4. *Пендинен Г. И., Чернов В. Е.*, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова, Санкт-Петербург, Россия. **Расширение генетического разнообразия интрогрессивных форм культурного ячменя, полученных на основе межвидовых гибридов *Hordeum vulgare* L. × *Hordeum bulbosum* L.**

Стенд 5. *Бутовец Е. С.*, Федеральный научный центр агробиотехнологий Дальнего Востока им. А.К. Чайки, Уссурийск, Россия. **Результаты изучения генофонда сои для селекционных целей**

Стенд 6. *Лукьянчук Л. М.*, Федеральный научный центр агробиотехнологий Дальнего Востока им. А.К. Чайки, Уссурийск, Россия. **Влияние патогена *Septoria glycines Hemmi* на формирование урожайности и биохимических показателей сои в условиях Приморского края**

Стенд 7. *Пендинен Г. И.*, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова, Санкт-Петербург, Россия. **Цитогенетическая характеристика форм пшеничного типа, отобранных в потомстве гибридов от скрещивания мягкой пшеницы из Китая с рожью посевной**

Стенд 8. *Попова А. С.*, Федеральный научный центр агроэкологии, комплексных мелиораций и защитного лесоразведения Российской академии наук, Волгоград, Россия. **Взаимосвязь генетического профиля с зеленой и красной окраской листьев у сортов салата посевного**

Стенд 9. *Ермолаев А. С.*, Федеральный научный центр овощеводства, Московская область, Россия. **Различия особенностей пыльцы и опушения черешков листьев как маркерные признаки плоидности растений гиногенных линий кабачка *in vitro***

Стенд 10. *Белов С. Н.*, Федеральный научный центр овощеводства, Московская область, Россия. **Улучшенный способ введения в культуру *in vitro* неопыленных семяпочек огурца (*Cucumis sativus* L.)**

Стенд 11. *Заячкова Т. В.*, Федеральный научный центр овощеводства, Московская область, Россия. **Создание *ms*- и *mf*- линий редиса на основе ядерно-цитоплазматической мужской стерильности для селекции на гетерозис**

Стенд 12. *Корнюхин Д. Л., Артемьева А. М.*, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова, Санкт-Петербург, Россия. **Изучение удвоенных гаплоидов репы корнеплодной, полученных на основе материала из коллекции ВИР**

Стенд 13. *Ермолаева Л. В., Хмелинская Т. В.*, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова, Санкт-

Петербург, Россия. **Результаты изучения устойчивости моркови к вредителям и болезням на Северо-Западе России**

Стенд 14. *Лукина К. А., Ковалева О. Н., Поротников И. В.*, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова, Санкт-Петербург, Россия. **Идентификация генов короткостебельности у образцов ячменя коллекции ВИР**

Стенд 15. *Фомина Н. А.*, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова, Санкт-Петербург, Россия. **Генетическое разнообразие образцов андийских культурных видов картофеля, сохраняемых на полярной опытной станции ВИР**

Стенд 16. *Таипова Р. М.*, Башкирский государственный университет, Уфа, Республика Башкортостан, Россия. **Изменение белково-липидного состава семян у мутантных форм амаранта *Amaranthus cruentus* L.**

Стенд 17. *Хафизова Г. В., Гаврилова В. А., Алтатьева Н. В., Макарова Л. Г., Анисимова И. Н.*, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова, Санкт-Петербург, Россия. **Коллекция диких видов *Helianthus* L. как исходный материал для гетерозисной селекции подсолнечника**

Стенд 18. *Коршикова К. С.*, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова, Санкт-Петербург, Россия. **Регенерационная способность скороспелых образцов сои (*Glycine max* (L.) Merr.) из коллекции ВИР**

Стенд 19. *Радченко Е. Е.*, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова, Санкт-Петербург, Россия. **Устойчивость образцов местного ячменя из Монголии к обыкновенной злаковой тле**

Стенд 20. *Пискунова Т. М.*, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова, Санкт-Петербург, Россия. **Скрининг генетических ресурсов *Cucurbita* L. коллекции ВИР по устойчивости к ложной мучнистой росе**

Стенд 21. *Соловьева М. В.*, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова, Санкт-Петербург, Россия. **Выявление селекционно значимых локусов пшеницы мягкой яровой полногеномным анализом ассоциаций**

ПРОГРАММНЫЙ КОМИТЕТ КОНФЕРЕНЦИИ

Хлесткина Елена Константиновна, доктор биологических наук, профессор РАН, директор, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова, Санкт-Петербург, Россия (**председатель Конференции**)

Лоскутов Игорь Градиславович, доктор биологических наук, главный научный сотрудник отдела генетических ресурсов овса, ржи, ячменя, заведующий лабораторией «Национальный цифровой генбанк», Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова, Санкт-Петербург, Россия (**сопредседатель**)

Обухова Наталия Сергеевна, и.о. ученого секретаря ВИР, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова, Санкт-Петербург, Россия (**секретарь**)

ЧЛЕНЫ ПРОГРАММНОГО КОМИТЕТА:

Лиховской Владимир Владимирович, доктор сельскохозяйственных наук, директор, Всероссийский национальный научно-исследовательский институт виноградарства и виноделия «Магарач» РАН, Ялта, Республика Крым, Россия

Акимов Михаил Юрьевич, доктор сельскохозяйственных наук, директор, Федеральный научный центр им. И.В. Мичурина, Мичуринск, Россия

Супрун Иван Иванович, кандидат биологических наук, заведующий функциональным научным центром «Селекции и питомниководства», Северо-Кавказский федеральный научный центр садоводства, виноградарства, виноделия, Краснодар, Россия

Рожмина Татьяна Александровна, доктор биологических наук, заведующая лабораторией селекционных технологий обособленного подразделения Института льна, Федеральный научный центр лубяных культур, Торжок, Россия

Ухатова Юлия Васильевна, кандидат биологических наук, заместитель директора по научно-организационной работе, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова, Санкт-Петербург, Россия

Антонова Ольга Юрьевна, кандидат биологических наук, заведующая лабораторией молекулярной селекции и ДНК-паспортизации, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова, Санкт-Петербург, Россия

Швачко Наталия Альбертовна, кандидат биологических наук, заведующая лабораторией постгеномных исследований, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова, Санкт-Петербург, Россия

**СЕКЦИЯ 1. СОХРАНЕНИЕ КОЛЛЕКЦИЙ
ГЕНЕТИЧЕСКИХ РЕСУРСОВ РАСТЕНИЙ**

**SECTION 1. CONSERVATION OF COLLECTIONS
OF PLANT GENETIC RESOURCES**

СТРАТЕГИЧЕСКИЕ АСПЕКТЫ ФОРМИРОВАНИЯ СЕМЕННЫХ КОЛЛЕКЦИЙ ОВОЩЕБАХЧЕВЫХ КУЛЬТУР В АРМЕНИИ

А. Э. Авакян*, Г. Ж. Саргсян

Научный центр овощебахчевых и технических культур Министерства экономики
Республики Армения, с. Даракерт, Республика Армения, *alvinaav@hotmail.com

STRATEGIC ASPECTS OF ESTABLISHING SEED COLLECTIONS OF VEGETABLE CROPS IN ARMENIA

A. E. Avagyan*, G. Zh. Sargsyan

Scientific Center of Vegetable, Melon and Industrial Crops of the Ministry of Economy of the
Republic Armenia, v. Darakert, Republic Armenia, *alvinaav@hotmail.com

Растущий интерес местных производителей к отечественным сортам овощных и бахчевых культур и возрастающая потребность в их семенах поставили вопрос о сохранении и рациональном использовании генетических ресурсов овощебахчевых культур в разряд актуальных задач развития сельского хозяйства и охраны биоразнообразия природных и сельскохозяйственных экосистем. Для обеспечения надежного сохранения культурного разнообразия овощных и бахчевых культур в Научном центре овощебахчевых и технических культур Министерства экономики Армении был создан генетический банк семян с целью полноценного охвата и сосредоточения в семенных коллекциях всего генетического разнообразия возделываемых в республике овощебахчевых культур. Генетический банк семян сформирован на основе семенной коллекции, собранной учеными Научного центра в течение более тридцати лет. Из-за отсутствия надлежащих условий хранения, образцы семенной коллекции требовали периодического пересева и, по причине нехватки людских и финансовых ресурсов, нередко погибали. С 2019 года с приобретением оборудования, необходимого для обеспечения сохранения образцов в условиях, соответствующих международно-принятым стандартам (Стандарты генных..., 2015), началось формирование обновленных семенных коллекций овощных и бахчевых культур, их пополнение и оптимизация.

Первым этапом в создании генетического банка была разработка стратегических принципов формирования различных коллекций для обеспечения их рационального использования, определение типов коллекций по срокам сохранения и целевому предназначению. Разработанная стратегия предусматривает наличие двух основных коллекций – базовой и активной, а также селекционной/рабочей коллекции (краткосрочной), предназначенной для использования в текущих селекционных и исследовательских программах по характеристике и оценке генетического материала, и признаков коллекций, содержащих образцы доноров по ряду признаков, в соответствии с направлениями селекции той или иной культуры.

Базовая коллекция – коллекция стратегическая, служащая страховочным материалом для активной коллекции и рабочей коллекций, включает, в основном, сорта армянской селекции, традиционные фермерские сорта, а также наиболее ценный исследовательский материал как местного, так и зарубежного происхождения. Согласно согласованным принципам в базовую коллекцию на долгосрочное хранение (-20°C) закладываются образцы, соответствующие следующим критериям:

- *Стратегическое значение отечественного сорта для производства продуктов питания и устойчивого сельского хозяйства республики.* К таковым относятся все широко культивируемые сорта, способствующие продовольственной безопасности страны.

- *Принадлежность к местному фермерскому разнообразию.* Фермерское разнообразие включает все собранные староместные сорта, как возделываемые, так

и исчезнувшие с рынков и фермерских полей в результате их вытеснения более продуктивными современными сортами.

- *Значение сорта зарубежной селекции для продовольственной безопасности страны.* Для ряда овощных культур в определенных агроклиматических зонах интродуцированные сорта зарубежной селекции сорта обеспечивают более высокие урожаи по сравнению с местными, такие сорта включены в базовую коллекцию.

- *Ценность менее распространенного сорта с точки зрения потенциала нишевого рынка.* Таковыми являются сорта, представляющие особый интерес для фермерских хозяйств, поставляющих продукцию для ресторанов или специализированных магазинов высокого класса.

- *Высокие показатели ценных селекционных признаков.* Учитывая приоритетные направления селекции, в базовую коллекцию включен исследовательский материал, в частности, некоторые достаточно хорошо изученные выведенные местными селекционерами селекционные линии с выявленными ценными с хозяйственной точки зрения признаками.

Активная коллекция – коллекция среднесрочного хранения (+5°C), включает образцы, предназначенные для обеспечения различных пользователей генетическим материалом для изучения и использования в научно-селекционных и общеобразовательных программах, а также для обмена гермоплазмой. В активную коллекцию включены генотипы, которые были получены в процессе селекции и научных исследований, в частности сортообразцы, которые, не будучи коммерческими сортами, тем не менее представляют ценность как исходный материал для селекции, селекционные линии, гибридные формы. Все образцы базовой коллекции продублированы в активной и предназначены для оперативного восстановления всхожести генетического материала.

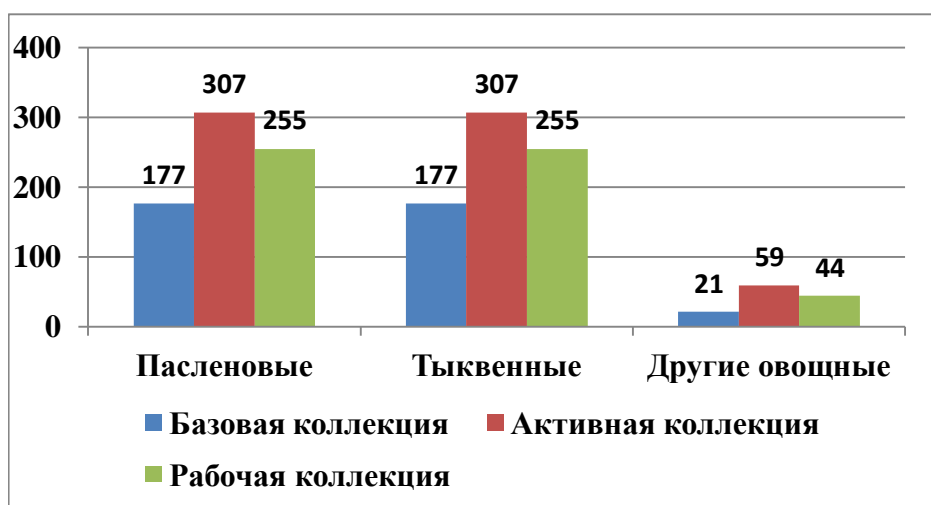


Рисунок. Структура генетического банка семян овощебахчевых культур
Пасленовые: томат, перец, баклажан, физалис
Тыквенные: огурец, арбуз, дыня, тыква, кабачок, патиссон, лагенария
Другие овощные: фасоль, бамиа, салат-латук, базилик, капуста

Сформированные коллекции (рисунок) являются резервуаром ценных образцов растений для использования в сельском хозяйстве, в научных исследованиях, образовательных и других программах прикладной и фундаментальной науки.

Список литературы

1. Стандарты генных банков для генетических ресурсов растений для производства продовольствия и ведения сельского хозяйства. Рим: ФАО, 2015. 182 с.

ВАВИЛОВСКИЙ ВЕКТОР ЦИТОГЕНЕТИЧЕСКОГО ИЗУЧЕНИЯ БИОРЕСУРСОВ

Н. Ш. Булатова

Институт проблем экологии и эволюции им А.Н. Северцова Российской академии наук,
Москва, Россия, bulatova.nina@gmail.com

VAVILOV'S VECTOR FOR THE CYTOGENETIC STUDY OF BIORESOURCES

N. Sh. Bulatova

A.N. Severtsov Institute of Ecology and Evolution of the Russian Academy of Sciences,
Moscow, Russia, bulatova.nina@gmail.com

100 лет назад наступило время генетического изучения биоресурсов на основе закона гомологических рядов в наследственной изменчивости, открытого Николаем Ивановичем Вавиловым. Следуя закону (Вавилов, 1920, 1935, 1987), коллекционирование видовых и внутривидовых таксонов получало новый смысл – вместо охоты за курьезами природы понять порядок существующего разнообразия в практических и научных целях. Этим задачам отвечали организованные академиком Вавиловым исследования растительных культур поистине планетарного масштаба (Вавилов, 1927). С 1923 г. закон гомологических рядов был положен в основу дифференциальной систематики культурных растений, для чего были привлечены новые методы и созданы генетическое и цитогенетическое подразделения руководимого Н. И. Вавиловым Всесоюзного института прикладной ботаники и новых культур (будущий знаменитый ВИР). В 1927 г. был подготовлен генетико-цитологический выпуск институтского журнала (Труды по прикладной ботанике, генетике и селекции, т. 17, № 3) с посвящением: «Основателю генетической цитологии в нашей стране Сергею Гавриловичу Навашину» – и статьями руководителей отделов Г. Д. Карпеченко, Г. А. Левитского, директора Н. И. Вавилова и еще 11 авторов. Спецвыпуск предназначался для 5 Международного генетического конгресса, состоявшегося в тот год в Берлине. С этим событием самим Вавиловым ассоциировалось рождение «новой могучей ветви генетики – цитогенетики... позволяющей вплотную подходить к вопросам макрофилогении» (Вавилов, 2012). Возможности сравнительной цитогенетики относительно недавно достигли уровня установления генетической гомологии, когда-то недоступной для изучения на большинстве групп организмов, кроме первостепенного объекта генетических экспериментов – дрозофилы. Примеры наиболее подробно изученных таксонов свидетельствуют о приложимости принципа гомологических рядов к анализу гомологической изменчивости по хромосомным признакам, используемым в целях систематики как у растений, так и животных. Гомология целых хромосом и их частей определяется по цитологическим свойствам хроматина (разные типы дифференциальной окраски) и специфическим геномным (ДНК) маркерам. Сравнительный анализ в группе близкородственных таксонов способен выявить более мелкие, внутривидовые градации гомологов и привнести существенные уточнения в интерпретацию эволюционных связей в ходе преобразования кариотипов. Распознавание рядов гомологической изменчивости индивидуальных хромосом ведет к идентификации видовых и внутривидовых скрытых биоресурсов по новым хромосомным признакам.

Список литературы

1. Вавилов Н.И. Географические закономерности в распределении генов культурных растений: (предварительное сообщ.) // Труды по прикладной ботанике, генетике и селекции. 1927. Т. 17 (1927), вып. 3. С. 411–428.

2. Вавилов Н.И. Закон гомологических рядов в наследственной изменчивости: Доклад на 3-м Всероссийском селекционном съезде в г. Саратове 4 июня 1920 г. Саратов, 1920. 16 с.
3. Вавилов Н.И. Закон гомологических рядов в наследственной изменчивости. 2-е изд., перераб. и расш. Москва; Ленинград: Сельхозгиз, 1935. 56 с.
4. Вавилов Н.И. Закон гомологических рядов в наследственной изменчивости. Ленинград: Наука, Ленинградское отделение, 1987. 259 с.
5. Вавилов Н.И. Этюды по истории генетики. Москва: Новый Хронограф, 2012. 160 с.

КУЛЬТУРНЫЕ ВИДЫ КАРТОФЕЛЯ В КОЛЛЕКЦИИ ВИР

Т. А. Гавриленко

Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова, Санкт-Петербург, Россия, t.a.gavrilenko@vir.nw.ru

CULTIVATED POTATO SPECIES IN THE VIR COLLECTION

T. A. Gavrilenko

N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources, St. Petersburg, Russia, t.a.gavrilenko@vir.nw.ru

Картофель, являющийся важнейшей не зерновой продовольственной культурой, относится к секции *Petota* Dumort. рода *Solanum* L., которая согласно оценкам ведущих систематиков включает от 111 (Spooner et al., 2014) до 235 (Hawkes et al., 1990, 1994) видов. Отдельные виды секции были введены в культуру. В группе культурных видов разные систематики выделяли 3 (Dodds, 1962), 21 (Лехнович, 1971), 17 (Букасов, 1978), 7 (Hawkes, 1990), 9 (Ochoa, 1990, 1999) и 15 (Горбатенко, 2006) видов.

Первые научные экспедиции по изучению и сбору образцов возделываемого картофеля Южной Америки были организованы Н. И. Вавиловым. В докладе приведены данные об истории формирования первой коллекции культурных видов картофеля, неразрывно связанной с историей Пушкинских лабораторий ВИР, и о вкладе исследователей ВИР в теоретические, методические и практические исследования генетических ресурсов картофеля. Отечественные систематики разработали принципы классификации аборигенных сортов Южной Америки, создали первую систему культурных видов картофеля и предложили первые теории их происхождения (Юзепчук, Букасов, 1929; Букасов, 1933). Исследователи ВИР внесли большой вклад в представления о таксономическом, эколого-географическом, генетическом разнообразии культурных видов картофеля (Юзепчук, Букасов, 1929; Рыбин, 1929, 1933; Букасов, 1930, 1933, 1978; Лехнович, 1972; Горбатенко, 2006). Большое историческое значение имеет гербарная коллекция образцов картофеля, сохраняемая в Гербарии ВИР (WIR), включающая номенклатурные типы культурных видов и их внутривидовых таксонов (Чухина и др., 2016). Формирование объективных знаний о происхождении и разнообразии культурных видов и их дикорастущих сородичей необходимо для разработки эффективной стратегии *ex situ* и *in situ* сохранения и изучения генетических ресурсов картофеля.

В последние десятилетия исследователи ВИР совместно с сотрудниками других организаций с использованием традиционных и современных методов – молекулярно-генетического, цитологического, а также эколого-географического анализа и многомерного статистического анализа фенотипической изменчивости морфологических признаков получили новые данные о фенетической структуре группы культурных видов, их

генетической дифференциации и взаимосвязях с родственными дикорастущими видами (Spooner et al., 2010, 2014; Gavrilenko et al., 2010, 2013). На основании анализа полученных данных и их сопоставления с результатами аналогичных исследований, выполненных в других генбанках (Huama'n, Spooner, 2002; Spooner et al., 2007), была предложена современная система группы культурных видов картофеля, в составе которой были выделены четыре вида: *Solanum tuberosum* L., включающий Andigenum Group и Chilotanum Group, *Solanum ajanhuiri* Juz. & Bukasov, *Solanum curtilobum* Juz. & Bukasov, *Solanum juzepczukii* Bukasov (Spooner et al., 2007, 2014; Ovchinnikova et al., 2011). На основании результатов анализа полиморфизма микросателлитных последовательностей пластидной ДНК образцов коллекции ВИР культурных видов картофеля и их дикорастущих сородичей была получена новая информация о происхождении возделываемого картофеля Южной Америки (Gavrilenko et al., 2013; Spooner et al., 2014).

Развитие стратегии изучения и сохранения коллекции культурных видов картофеля в ВИР обсуждается в контексте глобальной стратегии сохранения генетических ресурсов картофеля в генбанках разных стран (Nagel et al., 'Potato Strategy', в печати).

В докладе приведена информация о развитии в ВИР дублетных коллекций *in vitro* и *сruo*, а также о результатах молекулярно-генетических исследований образцов этой коллекции, выполненных в отделе биотехнологии ВИР совместно с сотрудниками отдела ГР картофеля, отдела агроботаники и *in situ* сохранения ГРР, отдела автоматизированных информационных систем ГРР и коллегами других институтов и организаций

РАСТЕНИЯ КОЛЛЕКЦИОННОГО ФОНДА ФНЦ АГРОЭКОЛОГИИ РАН КАК ИСТОЧНИКИ ЦЕННЫХ ПРИЗНАКОВ ДЛЯ БИОРЕСУРСНОЙ КОЛЛЕКЦИИ

С. Н. Крючков, А. В. Солонкин, А. С. Соломенцева*, С. А. Егоров, А. К. Романенко
Федеральный научный центр агроэкологии, комплексных мелиораций и защитного лесоразведения Российской академии наук, Волгоград, Россия, *alexis2425@mail.ru

PLANTS OF THE COLLECTION FUND OF THE FEDERAL RESEARCH CENTER OF AGROECOLOGY OF THE RAS AS SOURCES OF VALUABLE FEATURES FOR A BIORESOURCE COLLECTION

S. N. Kruchkov, A. V. Solonkin, A. S. Solomentseva*, S. A. Egorov, A. K. Romanenko
Federal Scientific Centre of Agroecology, Complex Melioration and Protective Afforestation of
the Russian Academy of Sciences, Volgograd, Russia, *alexis2425@mail.ru

Столетний опыт изучения древесных видов в сухой степи позволит дать научное обоснование мероприятий по обогащению и оптимизации дендрофлоры и разработать ассортимент для формирования биологически устойчивых лесомелиоративных комплексов, повысить биоразнообразие в агроландшафтах засушливого региона. Древесно-кустарниковый фонд Волгоградской области существенно деградировал вследствие естественного отпада (старения) и антропогенных факторов (пожаров). Сохранившиеся участки представлены в основном вегетативным потомством деревьев и кустарников порослевого и корнеотпрыскового происхождения.

Сохранение ценных видов деревьев и кустарников начато с первых лет организации Камышинского питомника ФНЦ агроэкологии РАН (ранее ВНИАЛМИ) (1903 год), затем опорного пункта (1931 год). При проведении лесомелиоративных работ использовались семена многих древесных видов из разных природных зон страны, т. е. осуществлялась интродукция и акклиматизация растений.

В 2013 году была заложена дендрологическая школа под руководством Н. И. Суса, где начали испытывать 43 вида деревьев и кустарников. Основные коллекционные фонды создавались в 1929–1931 годах путем ступенчатой акклиматизации. Площадь опытного участка составляла 10 га; почвы каштановые, слабосолонцеватые, погребенные золовым наносом. Наибольшее количество видов, произрастающих в опытной коллекции, имеют происхождение из Средней и зарубежной Азии (17%), Европы и Северной Америки (по 25%), значительно меньше из Сибири и Дальнего Востока (13%). В настоящее время Нижневолжская станция по селекции древесных пород является старейшим дендрарием Нижнего Поволжья, имеет исключительную научную ценность, включена во Всемирную сеть ботанических садов. В создании и расширении дендрария принимали участие известные ученые-лесоводы, садоводы, агролесомелиораторы – Н. И. Сус, П. Л. Никитин, А. И. Иозус, А. В. Альбенский, П. К. Балашов, С. Н. Крючков, В. А. Шутилов, А. В. Семенютина. В настоящее время большинство видов, введенных в коллекции с 1930 по 1960 год, достигло предельного для данных почвенно-климатических условий возраста. Из 400 видов и форм, составлявших коллекцию дендрария в 1962 году, по данным инвентаризации 2010 года, сохранилось 300 видов и форм. В 2010 году коллекция насчитывала 300 видов и форм. Виды и формы растений, сохранившихся в коллекции дендрария, представлены на рисунке.

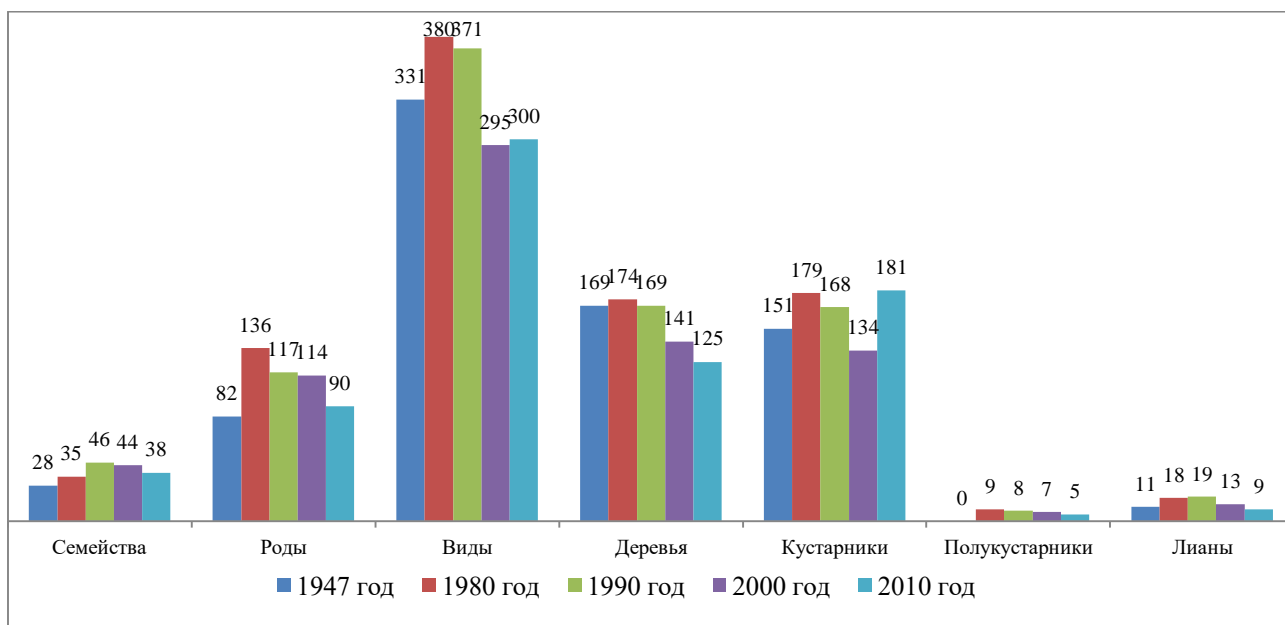


Рисунок. Коллекционный фонд Камышинского дендрария ФНЦ агроэкологии РАН по годам, шт.

Коллекция дендрария является целым научным объектом, позволяющим обобщить 90-летний опыт интродукции древесных растений всего земного шара в данный регион для целей защитного разведения и определить возможность успешного выращивания их семенного потомства в питомниках сухостепной зоны. В процессе исследований и проверке состояния дендрария в 2016 г. выявлено, что необходима коренная реконструкция коллекции. В хорошем состоянии находятся омоложенные куртины корнеотпрысковых и порослевых древесных и кустарниковых видов. Сохранились отдельные старые семенные экземпляры 50-летнего возраста дуба черешчатого, клена платановидного, липы, ясеня, сосны крымской и обыкновенной, робинии, ильмовых, тополей. Особую ценность представляют сохранившиеся 60–70-летние семенные экземпляры дуба, ясеня, клена, сосен крымской, желтой и черной, лжетсуга, можжевельника виргинского, вяза обыкновенного, каркаса западного, граба и др. В дендрарии продолжают научные исследования по

интродукции дендрофлоры. Изучается биологический потенциал интродукционных ресурсов и приемы сохранения и использования в лесомелиоративных комплексах засушливого пояса России, включающие мобилизацию и эксплуатацию адаптированных видов, форм, сортов с целью экологической оптимизации агроландшафтов. Для обогащения биоресурсов деградирующих ландшафтов аридных регионов определены виды с широким ареалом произрастания, обладающие наибольшим адаптационными возможностями.

Наиболее ценными для лесомелиоративных целей по многофункциональному использованию древесных растений являются родовые комплексы семейства Rosaceae, одного из самых крупных по таксономическому составу дендрария. Перспективны кустарники родовых комплексов (*Lonicera*, *Crataegus*, *Cotoneaster*, *Amelanchier*, *Spiraea*, *Rosa* и др.) с высокой степенью толерантности к засухе (устойчивость протоплазмы к обезвоживанию). Учитывая научную, практическую и эстетическую роль коллекций, считаем целесообразным их реконструкцию, включающую восстановление наиболее адаптированного генофонда, утраченного при пожарах и других антропогенных факторах, а также подготовку улучшенного и оригинального посадочного материала древесных видов (в т. ч. с закрытой корневой системой) для восстановления биоресурсной коллекции.

РАЗНООБРАЗИЕ РОДА *CITRUS* L. В КОЛЛЕКЦИИ ФИЦ СНЦ РАН

А. С. Кулешов

Федеральный исследовательский центр «Субтропический научный центр Российской академии наук», Сочи, Россия, mister.alexandr.ru@gmail.com

DIVERSITY OF THE GENUS *CITRUS* L. IN THE COLLECTION OF THE FRC SSC RAS

A. S. Kuleshov

Federal Research Centre the Subtropical Scientific Centre of the Russian Academy of Sciences
Sochi, Russia, mister.alexandr.ru@gmail.com

Цитрусовые растения относятся к семейству Rutaceae (Рутовые) подсемейства Померанцевые (Aurantioideae Engler) и считаются самыми популярными и востребованными вечнозелеными плодовыми культурами. Считается, что род *Citrus* возник в Юго-Восточной Азии в II–III тысячелетии до н. э. и распространился оттуда на другие континенты (Goldschmidt, Koch, 2017). Выращиванием цитрусовых в промышленных масштабах занимаются более чем в 142 странах мира с субтропическим или тропическим климатом. По данным Продовольственной и сельскохозяйственной организации (FAO), производство цитрусовых плодов в 2020 году составило более 158 млн тонн, а площадь под насаждениями – более 10 млн га (FAO. Faostat..., 2020).

В России (бывшем СССР) первое возделывание цитрусовых началось в 40-х годах XVIII века (Алавидзе, 1960). В настоящее время коллекция цитрусовых ФИЦ СНЦ РАН насчитывает 136 таксона (рисунок). Она представлена видами родов *Citrus* L., *Fortunella* Sw., *Poncirus* Raf., а также межвидовыми и межродовыми гибридами, дикими и полудикими сородичами, которые собраны в разные годы и интродуцированы из Китая, Японии, Италии, Испании, Америки, Никарагуа, Абхазии, Белоруссии (Каталог цитрусовых..., 2013; Кулян, 2020).

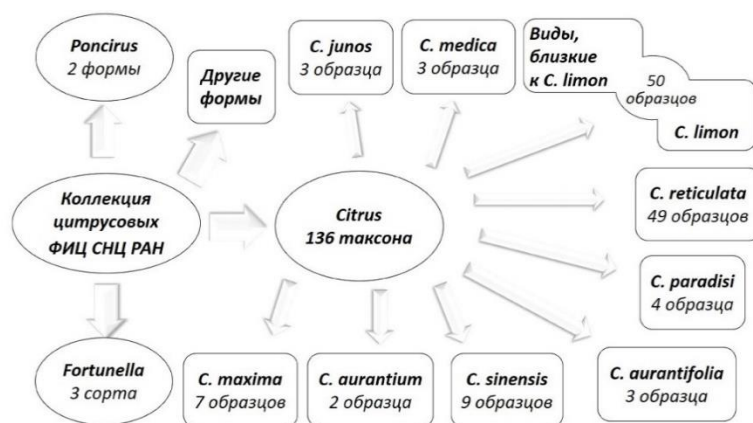


Рисунок. Коллекция цитрусовых ФИЦ СЦ РАН

В коллекции, мандарин представлен 49 образцами. Наибольший интерес в условиях влажных субтропиков Черноморского побережья России представляет *C. unshiu* Marc., относящийся к японской группе (Satsuma). Такой интерес обусловлен его морозостойкостью в сравнении с другими видами. Начало возделывания мандарина (в Грузии) приходится на 1897 год, в настоящее время он является основным видом для выращивания в промышленном значении. Коллекция цитрусовых используется в различных научно-исследовательских программах, в селекции с целью выведения новых устойчивых гибридов и сортов. В коллекции содержатся сорта и гибриды, полученные в центре: 'Пионер-80', 'Сочинский 23', 'Миллениум 1', 'Миллениум 2', 'Краснодарский 83', 'Сахарный', 'Черноморский' и т. д. (Каталог цитрусовых..., 2013).

Большим разнообразием представлен вид *C. limon* Burm. и близкие к нему виды. В коллекции находятся сорта как отечественной ('Диоскурия', 'Бесколючий', 'Одиши', 'Гизенко', 'Павловский' и т. д.), так и зарубежной ('Villa Franka', 'Genoa', 'Lisbon', 'Frost Eureka' и т. д.) селекции (Каталог цитрусовых..., 2013), отличающиеся друг от друга урожайностью и различными фенотипическими признаками. Наиболее популярным среди любителей цитрусовых является *C. × meyeri* – имеет компактные размеры кроны, отличается высокой урожайностью (250–300 ц/га) с хорошими вкусовыми качествами плодов, а также проявляет ремонтантность.

В коллекции имеются редкие формы, такие как *C. × bergamia*, *C. × limetta*, *C. × limonelloides* (лимон Кантонский), *C. verrucosa* (Подреза), *C. aurantifolia* (лайм) и его сорта ('Foro', 'Tahiti'), *C. hystrix*. Их промышленное возделывание ограничено, так как они используются в лечебных целях и в декоративном садоводстве. *C. medica* (цитрон) является одним из древних видов цитрусовых, является прародителем многих культурных видов цитрусовых, выращивается на небольших площадях в средиземноморье. Большая часть плода состоит (до 70%) из альбеда покрываемая ароматной кожурой, а остальная часть из кислой мякоти. Плоды широко используют для производства варенья и цукатов. Наиболее интересной его разновидностью является цитрон пальчатый, или «Рука Будды» (*Citrus medica* var. *sacroductylis* Sw.), используется в декоративном плодоводстве, а плоды используют в восточных странах в религиозных обрядах.

В небольшом разнообразии представлены *C. sinensis* (9 образцов), *C. maxima* (7 образцов), *C. paradisi* (4 образца), *C. junos* (3 образца) и *C. aurantium* (2 образца). Перечисленные виды широко используются в селекционной работе. Среди вида *C. sinensis* имеются сорта 'Moro', 'Arancio Rosso' с красной мякотью, обусловленная большим содержанием антоцианов, межродовой гибрид цитранжкват, полученный путем скрещивания трех родов *C. sinensis* × *C. trifoliata* × *C. fortunella*, характеризуется высокой устойчивостью к низким температурам. Вид *C. maxima* представлена в основном сортами японского происхождения, но также имеются сорта отечественной селекции

(‘Гульрипшский’, ‘Метелева’). *Citrus aurantium* L. (Бигарадия), широко известный как горький апельсин, обладает многочисленными терапевтическими свойствами, благодаря чему его широко применяют в лечебных целях (Suntar et al., 2018). *C. × aurantium myrtifolia* ‘Cinotto’ – разновидность бигарадии, которую называют миртолистный апельсин из-за сходства его листьев с листовой пластинкой мирта. *Citrus ichangensis* – это уникальный вид, относящийся к подроду *Papeda*. Произрастает в Китае, известен своей необычайной выносливостью после *P. trifoliata*, содержит широкий спектр биологически активных соединений. Благодаря своей стрессоустойчивости, *C. ichangensis* используется в селекции для создания морозостойких форм, а также в качестве подвоя.

В настоящее время коллекция ФИЦ СНИЦ РАН пополняется новыми образцами селекционной работы центра, а также интродуцированными сортами и гибридами.

Список литературы

1. Алавидзе Г.А. К истории культуры цитрусовых в Грузии // Субтропические культуры. 1960. №. 2. С. 43.
2. Каталог цитрусовых культур. Коллекция ГНУ ВНИИЦиСК Россельхозакадемии. Вып. 2 / составители: В.М. Горшков, В.А. Фогель, Р.В. Кулян ; под редакцией А.В. Рындина. Сочи, 2013. 91 с., 76 ил.
3. Кулян Р.В. Генетическое разнообразие цитрусовых растений по селекционно значимым признакам // Вестник российской сельскохозяйственной науки. 2020. № 3. С. 47–51. DOI 10.30850/vrsn/2020/3/47-51
4. FAO. Faostat: Citrus fruits, oranges, lemon, total, production quantity (tons) - for all countries. 2020. URL: <http://faostat.fao.org> (дата обращения: 20.03.2022).
5. Goldschmidt E.E., Koch K.E. Citrus // Photoassimilate distribution in plants and crops. Routledge, 2017. P. 797–824.
6. Suntar I., Khan H., Patel S., Celano R., Rastrelliet L. An Overview on *Citrus aurantium* L.: Its Functions as Food Ingredient and Therapeutic Agent // Oxidative Medicine and Cellular Longevity. 2018. Vol. 2018. Article ID: 7864269. DOI: 10.1155/2018/7864269

ЭКОЛОГО-ГЕОГРАФИЧЕСКОЕ РАЗНООБРАЗИЕ БОБОВ (*VICIA FABA* L.) В КОЛЛЕКЦИИ ВИР

С. М. Мамедова*, М. А. Вишнякова

Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова, Санкт-Петербург, Россия, *s.mamedova@vir.nw.ru

ECOLOGICAL AND GEOGRAPHICAL DIVERSITY OF BEANS (*VICIA FABA* L.) IN THE VIR COLLECTION

S. M. Mamedova*, M. A. Vishnyakova

N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources, St. Petersburg, Russia,
*s.mamedova@vir.nw.ru

В основе политипической концепции вида Н. И. Вавилова (Вавилов, 1965) лежит представление о наличии у видов географической и экологической динамики, что отражается в их эколого-географической дифференциации. Бобы (*Vicia faba* L.) – древняя культура, domesticiрованная около 10 тыс. лет назад (Tanno, Willcox, 2006) на Ближнем Востоке и в Средиземноморском бассейне (Cubero, 1974). В генофонде культуры этого большого региона выявлено наличие двух отличительных групп: формы с крупными

семенами на Западе и мелкосеменные формы, сосредоточенные в Юго-Западной Азии, включая Индию, Афганистан, Бухару и Кашмир. Восточная группа, обладающая большей территорией, более древняя, восходит к неолитической культуре, с наибольшим количеством эндемичных форм и разнообразием признаков вида, имеющих много специфических черт, отсутствующих в западной группе (Муратова, 1931).

В коллекции бобов ВИР представлено 1743 образцов из 67 стран мира. По классификации В. С. Муратовой (1931), разработанной в ВИР, вид *V. faba* подразделяется на два подвида:

1. subsp. *paucijuga* (Alef.) Murat. – эндемичные формы из Индии (короткий и тонкий стебель, очень мелкие семена);

2. subsp. *eu-faba* Murat. – все другие формы из различных стран мира, подразделяемые на три разновидности в соответствии с массой 1000 семян:

- var. *minor* Beck. (мелкие 400–600 г),

- var. *equina* Pers. (средние 600–900 г),

- var. *major* Harz. (крупные, более чем 900 г).

Возделываемые в странах Европы, Азии, Африки, Америки бобы под воздействием условий и деятельности человека обособились в хорошо выраженные 15 эколого-географических групп (таблица) (Муратова, 1938). Они объединяются в более крупные экотипы: приморский, бореальный, континентальный и высокогорный (Муратова, 1931). Растения приморского экотипа обладают крупносемянностью и неосыпаемостью; континентального – прямым и крепким стеблем; высокогорного – скороспелостью, а бореальный экотип наряду со скороспелостью обладает устойчивостью к ряду биотических и абиотических стрессоров.

Распределение образцов коллекции на основе анализа их признаков по выделенным группам приведено в таблице.

Таблица. Эколого-географические группы образцов коллекции бобов ВИР

	Эколого-географическая группа	Страны происхождения	Число образцов	% от коллекции
1	Индийская	Индия	34	1,8
2	Памиро-бадахшанская	Афганистан, Таджикистан	78	4,5
3	Эфиопская	Эфиопия, Сирия	109	6,2
4	Египетская	Северная Африка, страны Передней Азии	76	4,3
5	Средиземноморская	Турция, Азербайджан	102	5,8
6	Белуджистанская	Юго-западный Пакистан, Иранское нагорье	46	2,6
7	Иранская	Иран	20	1,1
8	Горнодагестанская	Дагестан	26	1,5
9	Сванетская	Грузия	20	1,1
10	Южноевропейская	Италия, Югославия	165	9,4
11	Западноевропейская	Канада, США, Англия	61	3,5
12	Среднеевропейская	Германия, Франция, Польша и др.	466	26,7
13	Бореальная	Россия	118	6,8
14	Японо-китайская	Япония, Китай, Монголия	303	17,4
15	Кашмирская	Индостан	15	0,9
16	Остальные	Страны Южной Америки и Австралии	104	6,3

Эта классификация играет неопределимую роль в выборе агро-экологически адресного исходного материала для селекции.

Работа выполняется в рамках государственного задания согласно тематическому плану ВИР по проекту № 0662-2019-0002 «Научное обеспечение эффективного использования мирового генофонда зернобобовых культур и их диких родичей из коллекции ВИР».

Список литературы

1. Вавилов Н.И. Линнеевский вид как система // Проблемы происхождения, географии, генетики, селекции растений, растениеводства и агрономии / Н.И. Вавилов ; ответственные редакторы: Ф.Х. Бахтеев, С.Ю. Липшиц. Москва; Ленинград: Наука, 1965. С. 233–252. (Избранные труды / Н.И. Вавилов ; т. 5).
2. Муратова В.С. Бобы: (*Vicia faba* L.). Ленинград, 1931. 298 с. (Приложение к Трудам по прикладной ботанике, генетике и селекции / ВИР ; 50).
3. Муратова В.С. Эколого-географическая классификация и эволюция бобов (*Vicia faba* L.) // Доклады Академии наук СССР. 1938. Т. 21, № 4. С. 198–201.
4. Cubero J.I. On the evolution of *Vicia faba* L. // Theoretical and Applied Genetics. 1974. Vol. 45. P. 47–51. DOI: 10.1007/BF00283475
5. Tanno K., Willcox G. The origins of cultivation of *Cicer arietinum* L. and *Vicia faba* L.: early finds from Tell el-Kerkh, north-west Syria, late 10th millennium B.P. // Vegetation History and Archaeobotany. 2006. Vol. 15, No. 3. P. 197–204. URL: <http://www.jstor.org/stable/23419598> (дата обращения: 20.03.2022).

СОХРАНЕНИЕ ГЕНЕТИЧЕСКИХ РЕСУРСОВ РАСТЕНИЙ В НАЦИОНАЛЬНОМ БАНКЕ СЕМЯН БЕЛАРУСИ

И. С. Матыс, И. М. Маркевич

РУП «Научно-практический центр НАН Беларуси по земледелию», Жодино, Республика Беларусь, belgenbank@izis.by

CONSERVATION OF PLANT GENETIC RESOURCES IN THE NATIONAL BANK OF SEEDS OF BELARUS

I. S. Matys, I. M. Markevich

Research and Practical Center of National Academy of Sciences of the Republic of Belarus for Arable Farming, Zhodino, Belarus, belgenbank@izis.by

Генетические ресурсы растений играют основополагающую роль в обеспечении глобальной продовольственной безопасности и экономического развития. Сохранение *ex situ* является самым значимым и широко распространенным методом сохранения генетических ресурсов растений. Мировым сообществом признаны суверенные права стран на их биологические ресурсы и вместе с этим – ответственность стран и народов за сохранение биологического разнообразия, мобилизацию генетических ресурсов, для этого созданы генбанки, где в условиях *ex situ* сохраняются различные коллекции генетических ресурсов.

РУП «Научно-практический центр Национальной академии наук Беларуси по земледелию» координирует работу в стране по сбору, изучению и сохранению генофонда растений, являясь ведущим научным учреждением в области растениеводства. На его

основе создан Национальный банк семян генетических ресурсов хозяйственно полезных растений (генбанк), который позволяет сосредоточить растительное разнообразие страны в одном месте, гарантировать относительную безопасность его сохранения, обеспечить возможность целенаправленного изучения, расширить доступность к использованию генетических ресурсов растений для отечественных и зарубежных ученых. В 2019 году Национальный банк семян генетических ресурсов хозяйственно полезных растений РУП «Научно-практический центр НАН Беларуси по земледелию» получил статус научного объекта национального достояния Республики Беларусь (постановление Совета Министров Республики Беларусь от 27.12.2019 г. № 924).



Рисунок. Памятный знак Национального банка семян генетических ресурсов хозяйственно полезных растений РУП «Научно-практический центр НАН Беларуси по земледелию»

В генбанке сохраняются коллекции семян генетических ресурсов растений: зерновых, зернобобовых, крупяных, кормовых, масличных, технических, овощных, а также лекарственных и пряно ароматических растений, диких родичей природных популяций хозяйственно полезных видов. В состав коллекций входят: селекционные сорта, селекционный исследовательский материал, гибриды, мутанты, генетические линии, местные, стародавние сорта, дикие родичи природных популяций растений, целевые признаковые, стержневые коллекции, и коллекционные образцы не имеющих аналогов в мире; особое внимание уделяется сохранению отечественного генофонда, 43% коллекции – образцы белорусского происхождения.

В настоящее время в коллекционном фонде генбанка в условиях среднесрочного и долгосрочного хранения сохраняется 46,7 тыс. коллекционных образцов. Коллекционный фонд структурирован по семействам, родам в соответствии с ботанической классификацией включает 356 родов, 702 вида. В относительном выражении наибольший удельный вес составляют образцы зерновых культур – 46,1%. Зернобобовые составляют 15,8% коллекционного фонда, масличные (крестоцветные) – 7,6%, крупяные – 3,6%, кормовые – 14,6%. Активная коллекция насчитывает 13405 образцов, базовая коллекция – 12 108 образцов охватывает генофонд белорусского происхождения, лучшие зарубежные сорта, наиболее ценные коллекционные образцы; коллекция семян исходного образца – 21 209 шт. За последний год в коллекцию на хранение поступило 1582 коллекционных образца, из них 651 образец белорусского происхождения.

Коллекции генетических ресурсов растений *ex situ* сохраняются в виде сухих семян при низких температурах. Закладка коллекционных образцов национального генофонда на средне- и долгосрочное хранение позволяет существенно продлить период сохранения жизнеспособности семенного материала, что повышает надежность сохранения генофонда и снижает затраты на регенерацию образцов. Работа с коллекцией включает сохранение, описание, оценку коллекции, а также управление данными и информацией, связанными с генетическими ресурсами растений.

Ежегодно в коллекционных питомниках ведется изучение и размножение коллекционных образцов зерновых, зернобобовых, крупяных, масличных, кормовых культур по фенологическим, морфологическим, хозяйственно ценным признакам, учету болезней, идентификации образцов согласно методике UPOV. Ежегодно по результатам изучения коллекционных образцов выделяются источники селекционно ценных признаков растений, формируются целевые признаковые коллекции для использования их в селекционном процессе. В 2021 году проведена генетическая паспортизация и подготовлены генетические паспорта по 50 коллекционным образцам зерновых растений, установлено, что все номера характеризовались высокой однородностью и отличимостью между собой. Дублирующиеся образцы не обнаружены. Разработана информационная система генетических ресурсов растений Республики Беларусь – «Генофонд растений Беларуси», включающая: базы данных сельскохозяйственных растений, кодификатор по группам культур для присвоения национальных каталожных номеров коллекционным образцам, унифицированные классификаторы зерновых (пшеница, рожь, тритикале, ячмень, рожь, овес) и зернобобовых (люпин, горох, вика) и масличных культур, содержит информацию по 33150 коллекционным образцам.

Материалы коллекций генетических ресурсов растений используются в первую очередь в селекционных целях при создании высокопродуктивных сортов сельскохозяйственных культур высокого качества, а также в познавательно-образовательном направлении.

Коллекции семян генбанка послужили исходным материалом для создания 425 сортов, в том числе 56 сортов созданы за последние пять лет. Таким образом, собранный генофонд ресурсов растений в РУП «Научно-практический центр НАН Беларуси по земледелию», разработанные современные методы селекции и полученные на их основе сорта обеспечивают надежный фундамент успешного развития отрасли растениеводства в стране. Коллекции семян Национального генбанка, являются стратегическим ресурсом и основой устойчивого производства продукции растениеводства в Республике Беларусь, первоосновой создания новых высокопродуктивных отечественных сортов и гибридов, и по праву относятся к научным объектам Национального достояния.

«РАДИ НЕЕ ОДНОЙ НАДО БЫЛО БЫТЬ НА ПАМИРЕ» – ВАВИЛОВ И ЕГО ЭКСПЕДИЦИИ НА ПАМИР

Б. Б. Надждов¹, К. У. Джумаев², Ф. Ю. Насырова²

¹Российский государственный аграрный университет – МСХА им. К.А. Тимирязева,
Москва, Россия, boburnajodov@gmail.com

²Институт ботаники, физиологии и генетики растений Национальной академии наук
Таджикистана, Душанбе, Таджикистан

“FOR IT ALONE ONE SHOULD BE IN THE PAMIR” – VAVILOV AND HIS EXPEDITIONS TO THE PAMIR

B. B. Nadzhodov¹, K. U. Jumaev², F. Yu. Nasyrova²

¹Russian State Agrarian University – Moscow Timiryazev Agricultural Academy, Moscow,
Russia, boburnajodov@gmail.com

²Institute of Botany, Plant Physiology and Genetics, National Academy of Sciences
of Tajikistan, Dushanbe, Tajikistan

Отмечая 135-летнюю годовщину со дня рождения гениального русского ученого, академика Н. И. Вавилова, следует выделить одну из наиболее важных его особенностей

(Григорьев, 2012). Одним из пионеров агрономического изучения нашей горной страны был академик Николай Иванович Вавилов, который накануне Великой Октябрьской революции совершил в трудных условиях тогдашнего бездорожья экспедицию в Дарваз, Рушан, и Шугнан (Крауш, 1936). Ученый внес большой вклад в работы по расширению границ земледелия ценных новых культур и освоению высокогорного Таджикистана. Он настаивал на внедрении в горных районах Таджикистана посева озимой пшеницы, что и выполняется с успехом многие годы. По инициативе Николая Ивановича Вавилова и его учеников, после 1930-х годов создали первую биологическую станцию на Памире, которая в последующем многие годы служила для изучения разновидностей диких видов в селекции в качестве исходного материала.

Высокогорная флора Памира издавна привлекала внимание многих исследователей, так как в горных районах мира сохранились остатки древнейших земледельческих культур, поэтому экспедиции для сбора форм и видов растений, в том числе пшениц, были организованы именно в эти области земли. Н. И. Вавилов считал, что в горных районах было сосредоточено наибольшее разнообразие сортов и форм культурных растений (Баранов и др., 1964). Горно-Бадахшанская автономная область (ГБАО) – одна из составных частей этого очага. Территория ГБАО, в частности земледельческие районы Вахана, Шугнана, Рушана, Ванча, представляют почти всю северную периферийную часть этого очага. Согласно литературным данным, сбор растений на Памире имеет не менее 145-летнюю историю. Первая ботаническая коллекция, содержащая более тысячи листов гербария, была собрана в 1878 г. ботаником А. А. Кушакевичем (Иконников, 1963). Здесь русские ученые-биологи А. Э. Регель (1882), С. И. Коржинский (1897), О. А. и Б. А. Федченко (1901), Н. И. Вавилов (1916), П. А. Баранов и И. А. Райкова, П. Н. Овчинников и А. В. Гурский (1927–1964), И. Г. Сухобрус (1952), М. Ф. Григорьев (1959–1961) изучили и установили большое скопление самых разнообразных ботанических и морфофизиологических форм растительности Памира.

Н. И. Вавилов обследовал территории Памира вдоль маршрута: Коканд-кишлак – Зардолю-ледник – Дамра – Шаург-долина – Кара-Гушхана – Гарм – переправа через Ак-Су-Сары-Пуль (р. Вахш) – переправа через Хингоу – Калаи-Хумб – Хорог – долина Гунта до ущелья Дузихдара – долина Шахдара до урочища Джаушангоз – Хорог – Калаи-Хумб, и затем вышел из Памира через Куляб на Термез (Гончаров, 2017).

В результате экспедиции 1916 г. впервые на Памире найдены целые группы многочисленных эндемичных форм безлигульных образцов пшениц и ржи, у которых отсутствуют лигула (язычок) и ушки, и лист непосредственно от влагалища переходит в листовую пластинку, не образуя сгиба. Благодаря этой находке впервые был установлен факт существования безлигульных форм у пшениц, и в частности, у мягких пшениц. В соответствии с установлением группы безлигульных мягких пшеницы Вавиловым было выделено 9 разновидностей безлигульных пшениц (*Triticum vulgare* Host.): *pamiricum*, *schughanicum*, *Horogi*, *oxianum*, *Gunti*, *kabulicum*, *afghanicum*, *tadjicorum* и *sub-Gunti* (Фляксбергер, 1929). Вавилов в 1917 г. пишет, что нашли в образцах мягкой пшеницы на Памире (в Шугнани, и Афганистане) такие формы, которые до этого времени не были известны в ботанической литературе. Другим шагом к рядам гомологической изменчивости была экспедиция, на которую Вавилова послано военное ведомство. Обнаруженную на Памире оригинальную безлигульную мягкую пшеницу Николай Иванович ранее предсказал и говорил, что на основе его закона и параллелизма рядов изменчивости можно будет найти безлигульную рожь (Баранов и др., 1964). Гигантская рожь полутораметровой высоты, с толстыми стеблями, с крупным зерном и впервые найденные так называемые безлигульные формы. «Впоследствии оказалось, – писал Н. И. Вавилов, – что эта рожь отличается необычайно крупной пылью, крупными пыльниками: безусловный эндем! Ради нее одной надо было быть на Памире!» (Вавилов, 1987).

Н. И. Вавиловым было отмечено, что несмотря на сравнительно небольшое число собранных им образцов памирских пшениц (700), их разнообразие было чрезвычайно

велико. В районах посева пшеницы обычно представляли смесь не только различных разновидностей, но и различных ее видов. Пшеницы, высеваемые здесь, никогда не подвергались планомерной селекции. Это было исключительно важно для ученого, так как в этом разнообразии можно было обнаружить много совершенно новых форм мягкой пшеницы с неизвестными до сих пор и, возможно, ценными признаками.

Нам не удалось установить число образцов пшеницы и ржи, собранных Н. И. Вавиловым, но необходимо сделать оговорку, что сохранились только репродукции образцов, разобранных уже по разновидностям и формам. Согласно статье К. А. Фляксбергера (Фляксбергер, 1929), оригинальные образцы были утеряны при перевозке коллекции из Саратова в Ленинград в 1920-м году. Но нам известно, что образцы, собранные Н. И. Вавиловым во время иранской экспедиции 1916 г., были привезены из Таджикистана, так, по данным М. А. Вишняковой (Вишнякова, Озерская, 2017), в коллекции зернобобовых культур ВИР имеется 73 образца, среди которых, возможно, есть и собранные на Памире.

Известно, что экспедиции Н. И. Вавилова по горным районам Памира показали, что данный регион богат генетическими ресурсами (Вавилов, 1931, 1964). Вавилов внес большой вклад в изучении растительной флоры Таджикистана, он много раз посетил эти горные районы. Путешествия на Памир в 1916, 1924 г. со стороны Афганистана подтвердили наличие многих эндемичных видов растений так же, как и путешествие в 1929 г. подтвердило основные выводы первого путешествия, дополнив его новыми материалами. В заключении можно сказать, что его первая экспедиция по Ирану и Памиру сыграла ключевую роль при открытии закона гомологических рядов.

Список литературы

1. Баранов П.А., Гурский А.В., Остапович Л.Ф. Земледелие и сельскохозяйственные культуры Горно-Бадахшанской автономной области Таджикской ССР. Т. 2. Душанбе, 1964. 207 с. (40-летию Таджикской республики / Академия наук Таджики ССР, Памирская база).
2. Вавилов Н.И. Пять континентов. Под тропиками Азии / А. Н. Краснов. Москва: Мысль, 1987. 348 с.
3. Вавилов Н.И. Роль Центральной Азии в происхождении культурных растений // Труды по прикладной ботанике, генетике и селекции. 1931. Т. 26. № 3. С. 85–107.
4. Вавилов Н.И. У Памира (Дарваз, Рушан, Шугнан) (Агрономический этюд) // Земледелие и сельскохозяйственные культуры Горно-Бадахшанской АО Таджикской ССР. Душанбе, 1964. С. 10–15.
5. Вишнякова М.А., Озерская Т.М. Экспедиции Н. И. Вавилова как источник пополнения коллекции генетических ресурсов зернобобовых ВИР // Зернобобовые и крупяные культуры. 2017. № 4 (24). С. 7–13.
6. Гончаров Н.П. Николай Иванович Вавилов. 2-е изд., испр. и доп. Новосибирск: ГЕО, 2017. С. 77.
7. Григорьев М.Ф. По следам первой научной экспедиции Н. И. Вавилова на Памир спустя 45 лет // Известия Тимирязевской сельскохозяйственной академии. 2012. № 5. С. 136–144.
8. Иконников С.С. Определитель растений Памира. Душанбе, 1963. 281 с.
9. Крауш О.А. Конференция по сельскохозяйственному освоению Памира // Природа. 1936. № 2. С. 89–92.
10. Фляксбергер К.А. Безлигульные карликовые пшеницы из Рошана и пшеницы Памира // Труды по прикладной ботанике, генетике и селекции. 1929. Т. 20, вып. 5. С. 93–126.

НАЦИОНАЛЬНАЯ КОЛЛЕКЦИЯ ГЕНЕТИЧЕСКИХ РЕСУРСОВ РАСТЕНИЙ РЕСПУБЛИКИ БЕЛАРУСЬ И РЕЗУЛЬТАТЫ ЕЕ ИСПОЛЬЗОВАНИЯ

Ф. И. Привалов, С. И. Гриб, И. С. Матыс

РУП «Научно-практический центр НАН Беларуси по земледелию», Жодино, Республика Беларусь, belgenbank@izis.by

NATIONAL COLLECTION OF PLANT GENETIC RESOURCES OF THE REPUBLIC OF BELARUS AND THE RESULTS OF ITS USE

F. I. Pryvalau, S. I. Grib, I. S. Matys

Research and Practical Center of National Academy of Sciences of the Republic of Belarus for Arable Farming, Zhodino, Belarus, belgenbank@izis.by

Коллекция генетических ресурсов растений для Республики Беларусь является одним из важнейших компонентов растительного биоразнообразия, служит основой устойчивого развития экологически безопасного сельского хозяйства и продовольственной безопасности страны. Н. И. Вавилов уделял особое внимание сбору, созданию и поддержанию мировой коллекции возделываемых культур, подчеркивая ее роль в селекции как источника для создания будущих сортов. В 1925 году в Беларуси под руководством Всесоюзного института прикладной ботаники и новых культур было открыто Белорусское отделение данного института в Лошице-1, в настоящее время РУП «Институт плодоводства». В 70-х годах XX века интенсивная и целенаправленная работа по изучению генетических ресурсов зерновых культур в Беларуси началась под руководством профессора ВИР А. Я. Трофимовской, и на протяжении 20 лет (1972–1992 гг.) успешно функционировал филиал ВИР по зерновым культурам в Белорусском НИИ земледелия. В 1992 г. филиал был закрыт, но спустя годы в 2009 году возобновил свою работу согласно заключенному договору о научно-техническом сотрудничестве со Всероссийским институтом растениеводства им. Н.И. Вавилова. После распада СССР генофонд растений, по существу, стал объектом национализации в суверенных странах бывшего Союза, назрела необходимость формирования национальной структуры фонда генетических ресурсов и в нашей стране. Стимулом для этого послужило Межправительственное соглашение о сотрудничестве в области сохранения и использования генетических ресурсов культурных растений 11 государств–участников СНГ, подписанное 4 июня 1999 г., включая Республику Беларусь. С 2000 года в Беларуси ведется целенаправленная работа по сбору, сохранению и изучению генофонда ресурсов растений в рамках Государственной программы «Генофонд растений». В настоящее время программа направлена на мобилизацию, сохранение, изучение и использование генетических ресурсов растений в Республике Беларусь для создания высокопродуктивных сортов и гибридов. Координирует работу в стране по сбору, изучению и сохранению генофонда растений РУП «Научно-практический центр Национальной академии наук Беларуси по земледелию», в котором сконцентрирована селекция более 40 сельскохозяйственных культур.

Национальная коллекция генетических ресурсов растений Республики Беларусь, сформированная в 10 научно-исследовательских учреждениях Национальной академии наук Беларуси и 1 вузе, в 2022 году насчитывает более 90,3 тыс. образцов, 1680 культурных видов и их диких родичей, включает в свой состав сельскохозяйственные культуры и их дикие родичи: зерновые, зернобобовые, крупяные, масличные, технические, кормовые, овощные, картофель, плодовые, ягодные, орехоплодные, лекарственные и пряно-ароматические, цветочные, декоративные, древесные, кустарниковые, оранжерейные, лесные древесные породы, природные популяции хозяйственно значимых видов, в том числе родственных окультуренным диким видам. В результате выполненных исследований и экспедиционных обследований на территории Республики Беларусь впервые в нашей

стране сформированы целевые признаковые, генетические, стержневые и учебные коллекции по наиболее значимым в экономическом отношении полевым сельскохозяйственным, плодовым, ягодным культурам и лесообразующим породам. Проводится генетическая идентификация и ДНК паспортизация образцов коллекций.

Сохранение семенных коллекций генетических ресурсов растений обеспечивается регулируемыми условиями хранения в Национальном банке семян генетических ресурсов хозяйственно полезных растений РУП «Научно-практический центр НАН Беларуси по земледелию», где созданы условия для их надежного длительного хранения. Основные коллекции вегетативно размножаемых культур сосредоточены в РУП «НПЦ по картофелеводству и плодоовощеводству». Поддержание коллекционного фонда здесь осуществляется как биотехнологическими методами – в культуре *in vitro*, так и в полевых коллекциях; длительное хранение генетического фонда лесных пород деревьев осуществляется в Институте леса.

Республика Беларусь принимает активное участие в деятельности международной сети по генетическим ресурсам растений: Продовольственной и сельскохозяйственной организации ООН (ФАО); Европейской кооперативной программе по генетическим ресурсам растений (ЕСPGR); Европейских интегрированных коллекциях (AEGIS); осуществляет научное сотрудничество с международными центрами сельскохозяйственных исследований и международными генбанками. В рамках Договора о сотрудничестве в области сбора, сохранения и использования генетических ресурсов растений осуществляется долгосрочное научное сотрудничество с ведущими селекционными центрами и международными генетическими банками, налажена работа по обмену генофондом и информацией со 124 зарубежными учреждениями. Активно ведется сотрудничество со странами Евразийского экономического союза (Россия, Казахстан, Киргизия, Армения). Коллекционные образцы пшеницы и ячменя белорусского происхождения переданы в Арктический Генный банк (Svalbard Global Seed Vault) и заложены на долгосрочное хранение. Впервые в 2020 году подготовлен отчет «О ходе осуществления второго Глобального плана действий в области генетических ресурсов растений для производства продовольствия и ведения сельского хозяйства Республики Беларусь». В стране разработана и утверждена Национальная стратегия по сохранению и устойчивому использованию генетических ресурсов растений для производства продовольствия и ведения сельского хозяйства в Республике Беларусь на 2021–2035 гг.

На сегодняшний день в число коллекций, получивших статус научных объектов национального достояния страны, входят «Национальный банк семян генетических ресурсов хозяйственно полезных растений РУП «Научно-практический центр НАН Беларуси по земледелию»», коллекции плодовых, ягодных, орехоплодных культур и винограда РУП «Институт плодородия», живые коллекции интродуцированных растений мировой флоры Центрального ботанического сада, ДНК коллекции растений Института генетики и цитологии НАН Беларуси и коллекции картофеля РУП «Научно-практический центр НАН Беларуси по картофелеводству и плодоовощеводству».

Коллекции генетических ресурсов растений в стране широко используются для создания новых высокопродуктивных сортов, озеленения, в научных исследованиях и учебных целях. За период 2000–2021 гг. на базе генофонда коллекций создано более 1100 сортов, из них в Государственный реестр включены 929 сортов полевых культур, среди которых более 400 сортов зерновых, зернобобовых, кормовых и масличных культур селекции РУП «Научно-практический центр НАН Беларуси по земледелию». Ряд белорусских сортов зарегистрированы в других странах мира (Россия, Сербия, Казахстан, Латвия, Литва, Эстония и др.). Удельный вес сортов в посевах зерновых, зернобобовых, крупяных, крестоцветных, кормовых культур Республики Беларусь составляет 75%. С использованием генофонда лесных культур восстановлено 40 тыс. га леса (40% от общего объема лесовосстановления), сохранено 52 редких, нуждающихся в охране диких видов растений, включенных в Красную книгу Республики Беларусь.

ИЗУЧЕНИЕ НЕКОТОРЫХ ИНТРОДУЦИРОВАННЫХ ДИКИХ СОРОДИЧЕЙ БАКЛАЖАНА В АРМЕНИИ

К. М. Сарикян, М. Г. Григорян

Научный центр овощебахчевых и технических культур Министерства экономики
Республики Армения, с. Даракерт, Республика Армения, karuine_sarikyan@mail.ru

THE STUDIES OF SOME INTRODUCED WILD RELATIVES OF EGGPLANT IN ARMENIA

K. M. Sarikyan, M. G. Grigoryan

Scientific Center of Vegetable, Melon and Industrial Crops of the Ministry of Economy of the
Republic Armenia, v. Darakert, Republic Armenia, karuine_sarikyan@mail.ru

Дикие баклажаны представляют большой интерес для селекции, поскольку у них обнаружены гены устойчивости (Solberg et al., 2021). Учитывая, что выведение устойчивых сортов в настоящее время является лучшей стратегией, и наиболее тяжелые инфекции возникают при высоких температурах, были проведены некоторые исследования для выявления устойчивого генетического материала.

Для проведения этих исследований впервые в Армении в условиях Арагатской долины были испытаны некоторые дикие родичи баклажанов, принадлежащие к формам гбома и скарлет, в частности *Solanum aethropicum Gr.gilo* (MM-314), *S. sisymblofolium* (MA-284) и *S. macrocarpon* (MA-134) интродуцированные из Франции (INRA), *S. macrocarpon*, *S. macrocarpon* (S00052), *S. aethropicum* (S00005), *S. incanum*, *S. undatum* (subgenus *Leptostemonum*), интродуцированные из Всемирного центра овощеводства (AVRDC) в Тайване. Исследования фенотипического разнообразия проводились на формах баклажана гбома и скарлет. Баклажаны имели большие фенотипические вариации по цвету, форме, текстуре и размеру.

Исследования вегетативных и генеративных органов показали, что имеются значительные различия в размерах растений, бутонов, цветков, плодов, количестве и расположении ветвей растений, росте и развитии, высоте растений, сроках цветения и созревания. Получена систематическая информация об устойчивости к биотическим и абиотическим стрессам дикорастущих сородичей баклажанов в условиях жаркой среды. Устойчивость к абиотическим стрессам включает высокую температуру, соленость и засуху. Удалось выявить желаемые генотипы для использования в программах селекции баклажанов, что могло бы расширить генетическую базу выращиваемых баклажанов и разработать процессы селекции новых сортов с хорошей устойчивостью. Проведена предварительная селекция диких сородичей, предселекционный материал охарактеризован по соответствующим признакам, представляющим промысловый интерес: устойчивость к биотическим и абиотическим стрессам.

Исследования убедительно показывают, что дикорастущие сородичи баклажанов *S. sisymblofolium* (MA-284), *S. aethropicum Gr.gilo* (MM-314), *S. Undatum* (subgenus *Leptostemonum*), *S. macrocarpon* (MA-134), *S. macrocarpon* (S00052), *S. incanum* в условиях изменения климата выделяются по биологическим, морфологическим и хозяйственно ценным свойствам, признакам и широкой адаптивности.



1. *Solanum aethropicum*
Gr.gilo (MM-314) INRA



2. *Solanum sisymblofolium*
(MA-284) INRA



3. *Solanum macrocarpon*
(MA-134) INRA



4. *Solanum macrocarpon*
AVRD



5. *Solanum macrocarpon*
(S00052) AVRDC



6. *Solanum aethropicum*
(S00005) AVRDC



7. *Solanum incanum* AVRDC



8. *Solanum undatum*, (subgen.
Leptostemonum) AVRDC

Список литературы

1. Solberg S.Ø. et al. Global strategy for the conservation and use of eggplants. Global Crop Diversity Trust. Bonn, Germany, 2021. URL: <https://www.croptrust.org>

ГЕНЕТИЧЕСКОЕ РАЗНООБРАЗИЕ ОБРАЗЦОВ АНДИЙСКИХ КУЛЬТУРНЫХ ВИДОВ КАРТОФЕЛЯ, СОХРАНЯЕМЫХ НА ПОЛЯРНОЙ ОПЫТНОЙ СТАНЦИИ ВИР

Н. А. Фомина*¹, Т. А. Гавриленко¹, С. Н. Травина²

¹Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова, Санкт-Петербург, Россия, *n.fomina@vir.nw.ru

²Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова, Полярная опытная станция – филиал ВИР, Апатиты, Россия

GENETIC DIVERSITY OF ANDEAN CULTIVATED POTATO SPECIES PRESERVED AT THE VIR POLAR EXPERIMENT STATION

N. A. Fomina*¹, T. A. Gavrilenko¹, S. N. Travina²

¹N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources, St. Petersburg, Russia, *n.fomina@vir.nw.ru

²N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources, Polar Experiment Station of VIR, Apatity, Russia

Коллекция генетических ресурсов картофеля ВИР поддерживается в Пушкинских лабораториях ВИР (Санкт-Петербург). Дублетная коллекция культурных видов картофеля сохраняется на Полярной опытной станции ВИР (ПОС ВИР), которая расположена за Полярным кругом на берегу озера Имандра близ города Апатиты. Образцы картофеля сохраняются и изучаются здесь около 100 лет, почти с самого начала существования ПОС ВИР (Травина, 2020).

В настоящее время в коллекции, сохраняемой на ПОС ВИР поддерживаются селекционные сорта картофеля, а также аборигенные сорта, собранные в различных странах Южной Америки. Большой интерес в этой коллекции представляют образцы андийских культурных видов, которые были отобраны по способности адаптироваться к длинному световому дню и характеризуются коротким вегетационным периодом.

Для молекулярно-генетических исследований в 2021 году на ПОС ВИР было отобрано 158 образцов *Solanum andigenum* и 21 образец примитивных культурных видов – *S. rybinii*, *S. stenotomum*, *S. curtilobum*, *S. chaucha*. Для 113 образцов была известна информация из какой Южноамериканской страны образцы поступили в ВИР (табл. 1).

Таблица 1. Распределение образцов андийских культурных видов картофеля с различными типами цитоплазм в зависимости от их географической приуроченности

Страна	Всего образцов	Т-тип	А-тип	Р-тип	М-тип
Северная часть					
Мексика	1	1	0	0	0
Венесуэла	1	1	0	0	0
Колумбия	10	7	3	0	0
Эквадор	7	2	3	2	0
Центральная часть					
Перу	34	15	7	5	7
Боливия	15	8	6	0	1
Южная часть					
Аргентина	21	7	12	1	1
Происхождение не указано					
н/д	57	24	15	17	1

Для 146 образцов были определены типы цитоплазмы с маркерами, специфичными к различным последовательностям пластидной и митохондриальной ДНК, из набора Hosaka & Sanetomo (2012). У изученных образцов обнаружены четыре типа цитоплазм: А (46 образцов), М (10), Р (25) и Т-тип (65 образцов). Для оставшихся 33 образцов тип цитоплазмы еще уточняется (рисунок, табл. 1, 2).

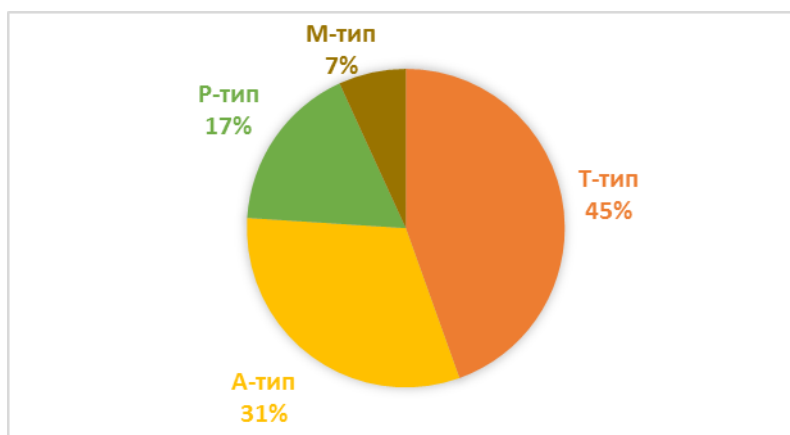


Рисунок. Соотношение типов цитоплазмы в выборке из 146 образцов андийских культурных видов *S. andigenum* и культурных примитивных видов, сохраняемых на ПОС ВИР.

Как и ожидалось у диплоидных видов *S. rybinii*, *S. stenotomum* доминирует Р-тип цитоплазмы, что согласуется с литературными данными (Hosaka, Sanetomo, 2012) (табл. 2).

Таблица 2. Распределение образцов андийских культурных видов картофеля с различными типами цитоплазм в зависимости от их видовой принадлежности

	Всего образцов	Т-тип	А-тип	Р-тип	М-тип
<i>S. andigenum</i>	128	65	41	12	10
<i>S. curtilobum</i>	1	0	1	0	0
<i>S. rybinii</i>	6	0	2	4	0
<i>S. stenotomum</i>	11	0	2	9	0

Согласно литературным данным у образцов тетраплоидного андийского картофеля *S. andigenum* доминирует А-тип цитоплазмы, а распределение других типов имеет географическую приуроченность (Sukhotu et al., 2005, Gavrilenko et al., 2013). В изученной нами выборке образцов *S. andigenum* такого соотношения не наблюдалось (см. табл. 1), что может быть связано с отбором генотипов, адаптированных к необычным для андийских образцов условиям длинного дня.

Информация о различных типах цитоплазм, которые могут быть ассоциированы с мужской фертильностью, важна для вовлечения андийских образцов картофеля в селекционный процесс.

Список литературы

1. Gavrilenko T., Antonova O., Shuvalova A., Krylova E., Alpatyeva N., Spooner David M., Novikova L. Genetic diversity and origin of cultivated potatoes based on plastid microsatellite polymorphis // Genetic Resources and Crop Evolution. 2013. Vol. 60. P. 1997–2015. DOI: 10.1007/s10722-013-9968-1

2. Hosaka K., Sanetomo R. Development of a rapid identification method for potato cytoplasm and its use for evaluating Japanese collections // *Theoretical and Applied Genetics*. 2012. Vol. 125. P. 1237–1251. DOI: 10.1007/s00122-012-1909-4
3. Sukhotu T., Kamijima O., Hosaka K. Genetic diversity of the Andean tetraploid cultivated potato (*Solanum tuberosum* L. subsp. *andigena* Hawkes) evaluated by chloroplast and nuclear DNA markers // *Genome*. 2005. Vol. 48, No. 1. P. 55–64. DOI: 10.1139/g04-086
4. Травина С.Н. Полярная опытная станция ВИР – северный форпост исследований картофеля // *Труды по прикладной ботанике, генетике и селекции*. 2020. Т. 181, вып. 1. С. 139–145. DOI: 10.30901/2227-8834-2020-1-139-145

**СЕКЦИЯ 2. ИЗУЧЕНИЕ ГЕНЕТИЧЕСКИХ РЕСУРСОВ
РАСТЕНИЙ**

SECTION 2. STUDY OF PLANT GENETIC RESOURCES

КОЛЛЕКЦИЯ КУКУРУЗЫ САРАТОВСКОГО ГОСУДАРСТВЕННОГО УНИВЕРСИТЕТА: СОЗДАНИЕ И ПЕРСПЕКТИВЫ ИСПОЛЬЗОВАНИЯ

**Н. В. Апанасова, Ю. А. Беляченко, О. В. Гуторова, О. Л. Госенова,
Ю. В. Смолькина, О. И. Юдакова***

Саратовский национальный исследовательский государственный университет имени Н.Г. Чернышевского, Саратов, Россия, *yudakova@info.sgu.ru

CORN COLLECTION OF SARATOV STATE UNIVERSITY: CREATION AND PROSPECTS OF USE

**N. V. Apanasova, Yu. A. Belyachenko, O. V. Gutorova, O. L. Gosenova,
Yu. V. Smolkina, O. I. Yudakova***

Saratov State University, Saratov, Russia, *yudakova@info.sgu.ru

На кафедре генетики и лаборатории биотехнологии и репродуктивной биологии Саратовского государственного университета имени Н.Г. Чернышевского создана коллекция кукурузы (*Zea mays* L.), включающая более 100 линий, которые могут быть использованы для решения ряда практических и теоретических задач.

Особое место в коллекции занимают линии с наследуемым и индуцированным (ненаследуемым) типами гаплоидии (Тырнов, 2000).

У растений с наследуемой гаплоидией яйцеклетки способны развиваться партеногенетически. В среднем до 10% зерновок, завязавшихся при свободном опылении, содержит матроклинные гаплоидные зародыши. Установлено, что склонность к партеногенезу является ядерным доминантным признаком и может передаваться как через женские, так и мужские гаметы. Родоначальником партеногенетических линий стала линия АТ-1, полученная в свою очередь от линии Stock 6 (Тырнов, Завалишина, 1984). На основе линии АТ-1 создана серия линий (АТТМ), несущих различные моногенные рецессивные маркерные признаки (коричневая жилка, безлигульность, восковидный эндосперм и др.) (Гуторова и др., 2016). В настоящее время эта серия включает 24 линии, характеризующиеся различным сочетанием рецессивных маркерных генов и высокой частотой гаплоидии (до 12%) и полиэмбрионии (до 4%). От линии АТ-1 получена гомозиготная линия АТ-3 с высокой частотой партеногенеза (до 27%) и автономного эндоспермогенеза (до 4%). Для линий АТ-1 и АТ-3 созданы аналоги с разными типами ЦМС (М, Т, С, В). От диплоидизированного матроклинного гаплоида линии АТ-3 получена линия АПО-3, которая также обладает способностью к партеногенезу. Использование растений партеногенетических линий в селекционно-генетических исследованиях позволяет решать целый ряд важных задач, в том числе: проведение отбора в первом поколении; получение гомозиготных линий за один год, путем удвоения числа хромосом у гаплоидов; создание стерильных аналогов линий и др.

Наряду с партеногенетическими линиями созданы формы со специфическими гаметофитными мутациями, определяющими их склонность к андрогенезу, а также высокоэффективные линии – гаплоиндукторы, вызывающие развитие с повышенной частотой матроклинных гаплоидов у целевых материнских форм (ненаследуемая индуцированная гаплоидия). Для выведения генетически маркированных линий-гаплоиндукторов, адаптированных к условиям Нижнего Поволжья, в качестве материнского родителя использовали растения линии ЗМС-8 (Зародышевый маркер Саратовский-8) и нелинейные формы кукурузы с пурпурной окраской стеблей, листьев и метелок (доминантные признаки) (Гуторова и др., 2016). Полученные линии серии ЗМС П несут маркерные гены, отвечающие за окраску зародыша и эндосперма (ACR-nj: cudu Pr b pl у P^{wr}), и гены, обуславливающие пурпурную окраску всех вегетативных частей взрослого растения. Наличие универсальной системы маркирования у этих линий

(гены пурпурной окраски зародыша, алейрона, стебля, листьев и метелок) позволяет с высокой точностью отбирать гаплоиды среди гибридов на любой стадии развития: от зерновки до взрослого растения. Частота гаплоиндукции у линий серии ЗМС-П достигает 15% (Гуторова и др., 2019).

В состав коллекции входят формы с разными типами цитоплазматической мужской стерильности. Данное явление позволяет исключать самоопыление растений и открывает возможности изучения механизма взаимодействия ядерного и митохондриального геномов.

Наряду с диплоидными линиями созданы и поддерживаются тетраплоидные линии. Они используются для создания форм с разными уровнями пloidности и исследования закономерностей развития зародыша на основе нередуцированных форм апомиксиса. Кроме того, тетраплоидность создает более широкие возможности для реализации внутри- и межallelельных взаимодействий, повышая таким образом генетическую гетерогенность гибридных форм и продлевая эффект гетерозиса.

Особую категорию составляют линии с такими хозяйственно значимыми признаками, как повышенное содержание сахаров, лизина и амилопектина. Содержание последнего контролируется рецессивным геном *waxy*. В гомозиготном состоянии он вызывает развитие восковидного эндосперма, состоящего из амилопектина, который широко используется в диетическом и спортивном питании.

Проводится работа по созданию декоративных линий кукурузы.

В настоящее время в коллекции представлены линии с необычной окраской растения (зеленые, золотистые, светло- и темно-коричневые, красные, пурпурные, темно-фиолетовые), а также с нетипичной формой и окраской листьев (без лигулы, с коричневой средней жилкой, с белой полосатостью). Растения кукурузы разнообразны не только по окраске, но и по высоте, кустистости, количеству початков. Комбинируя эти признаки можно создать декоративные формы для оформления газонов и клумб, живых изгородей.

Также в коллекции представлены формы с разным сроком цветения. Особое внимание уделяется созданию скороспелых линий, которые могут быть успешно интродуцированы в регионы с соответствующими агроклиматическими условиями.

Список литературы

1. Гуторова О.В., Юдакова О.И., Зайцев С.А. Оценка эффективности гаплоиндуктора кукурузы ЗМС-П = The effectiveness evaluation of the haploid inducer of maize line ZMS-P // Аграрный научный журнал. 2019. № 7. С. 14–18. DOI: 10.28983/asj.y2019i7pp14-18
2. Гуторова О.В., Апанасова Н.В., Юдакова О.И. Создание генетически маркированных линий кукурузы с наследуемым и индуцированным типами партеногенеза // Известия Самарского научного центра Российской академии наук. 2016. Т. 18, № 2-2. С. 341–344. URL: <http://www.ssc.smr.ru/media/journals/izvestia/2016/2016> (дата обращения: 20.05.2022).
3. Тырнов В.С., Завалишина В.Н. Индукция высокой частоты возникновения матроклинных гаплоидов у кукурузы // Доклады АН СССР. 1984. Т. 276, № 3. С. 735–738.
4. Тырнов, В.С. Прикладные аспекты гаметофитного апомиксиса // Эмбриология цветковых растений = Embryology of flowering plants: терминология и концепции : в 3 т. / [Е. В. Андропова, Г. М. Анисимова, М. В. Баранова и др.]. Санкт-Петербург: Мир и семья, 2000. Т. 3: Система репродукции. С. 203–206.

НОВЫЙ ПОЛИМОРФИЗМ ГЕНОВ *MYB113-like* РОДА *CAPSICUM* И *MYB114* РОДА *BRASSICA* В СВЯЗИ С РЕГУЛЯЦИЕЙ БИОСИНТЕЗА АНТОЦИАНОВ

О. Г. Бабак*¹, Н. В. Анисимова¹, Н. А. Некрашевич¹, К. К. Яцевич¹, Е. В. Дрозд¹,
Д. А. Фатеев², Ф. А. Беренсен², А. М. Артемьева², А. В. Кильчевский¹

¹Институт генетики и цитологии Национальной академии наук Беларуси, Минск,
Республика Беларусь, babak_olga@mail.ru

²Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов
растений им. Н.И. Вавилова, Санкт-Петербург, Россия

THE NEW POLYMORPHISM OF *CAPSICUM MYB113-like* AND *BRASSICA MYB114* GENES IN CONNECTION WITH THE ANTHOCYANINE BIOSYNTHESIS REGULATION

O. G. Babak*¹, N. V. Anisimova¹, N. A. Nekrashevich¹, K. K. Yatsevich¹, E. V. Drozd¹,
D. A. Fateev², F. A. Berensen², A. M. Artemyeva², A. V. Kilchevsky¹

¹Institute of Genetics and Cytology of the National Academy of Sciences of Belarus, Minsk,
Republic of Belarus, *babak_olga@mail.ru

²N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources, St. Petersburg, Russia

Широкий интерес, уделяемый изучению генетических особенностей накопления антоцианов, связан антиоксидантными и антимикробными свойствами данных метаболитов, потребляемых человеком с растительной пищей. Целью этапа исследований, результаты которого представлены в данных тезисах, являлся дальнейший поиск полиморфизма генов MYB TF у овощных пасленовых и капустных культур, связанного с регуляцией биосинтеза антоцианов в растениях. Задачами данного этапа исследований были: анализ генетического полиморфизма промоторной области гена *Myb113-like1* рода *Capsicum* и оценка его связи с ранее выявленными нами изменениями структуры данного гена (Babak et al., 2020); поиск наиболее близких к изученным ранее последовательностям R2R3MYB транскрипционных факторов пасленовых (основываясь на законе гомологических рядов наследственной изменчивости Н. И. Вавилова) и изучение их полиморфизма у представителей капусты огородной и репы листовой.

Материалом для исследований были образцы *Solanum lycopersicum* и *Capsicum annuum* с различным уровнем накопления антоцианов в плодах и листьях коллекции Института генетики и цитологии НАН Беларуси, образцы капусты огородной (*Brassica oleracea*) и репы листовой (*B. rapa*) из коллекции Всероссийского института генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова (ВИР) с различным уровнем накопления антоцианов в листьях и других продуктивных органах. Поиск генов-ортологов у капустных культур к генам, кодирующим R2R3MYB TF у пасленовых культур, осуществлялся с помощью программы Blast сайта NCBI. Нуклеотидные последовательности аллелей гена *Myb-114*, а также промоторной области гена *Myb113-like1*, определяли путем секвенирования. Компьютерную обработку данных, полученных в результате секвенирования, проводили с использованием программы Sequencing Analysis Software v 5.2 (Applied Biosystems). Выравнивание нуклеотидных и аминокислотных последовательностей проводили с помощью программы MEGA4 – Molecular Evolutionary Genetics Analysis, Vector NTI.

Выполнено секвенирование промоторной области гена *Myb113-like1* рода *Capsicum* размером около 1500 пн, расположенной перед старт-кодоном, включающей непосредственно коровый элемент, а также ряд элементов промотора, связанных с регуляцией активности гена в зависимости от внешних факторов. У форм без накопления антоцианов в плодах обнаружен дополнительный повтор размером 148 пн. Данная вставка находится на расстоянии –308...–160 пн от старт-кодона. Также у сорта ‘Златозар’, отличающегося практически полным отсутствием антоциановой окраски плодов и

вегетативных органов, обнаружена инсерция размером 2 пн на расстоянии –515 пн от старт-кодона. Разработаны маркеры MYB113-like1promIns2 и MYB113-like1promIns148 для идентификации форм с выявленными полиморфизмами. Установлена связь между наличием вставки в промоторе (*Myb113-like1pr⁺¹⁴⁸*) с полиморфизмами в экзонных областях аллелей *Myb113-like1^{delT}* и *Myb113-like2^{C/A}*, связанных с нарушением синтеза антоцианов.

На основании сравнительного анализа последовательностей ДНК и аминокислотных структур у разновидностей капусты огородной и репы листовой изучен полиморфизм гена *Myb114*, наиболее близкого по структуре к генам R2R3MYB овощных пасленовых культур. По результатам выравнивания последовательностей гена *Myb114* у образцов капусты огородной с контрастным накоплением антоцианов относительно последовательности LOC106333082 выявлены 5 однонуклеотидных замен в экзонных областях (1 SNP в первом экзоне, 2 SNP во втором экзоне и 2 SNP в третьем экзоне) и делеция размером в 271 пн в первом интроне у образцов белокочанной и зеленой листовой капусты. На рисунке показаны SNP в области второго экзона. Выявлена связь генетических полиморфизмов данного гена с накоплением антоцианов в листьях изучаемых культур. Предложен молекулярный маркер MYB114.2 для идентификации кочанных и листовых капуст с высоким/низким накоплением антоцианов. У *B. oleracea* выявлены две аминокислотные замены в белке, кодируемом геном *Myb114*, расположенные в области ДНК-связывающих доменов, что приводит к изменению эффективности связывания данного транскрипционного фактора с промоторами структурных генов биосинтеза и уменьшению уровня их экспрессии. У изучаемых образцов *B. rapa* с высоким накоплением антоциана в листьях кодируемые геном *Myb114* белковые последовательности отличались пятью аминокислотами от таковых у образцов без накопления антоциана в листьях, при этом области ДНК-связывающих доменов были одинаковы у форм с различным накоплением антоциана.

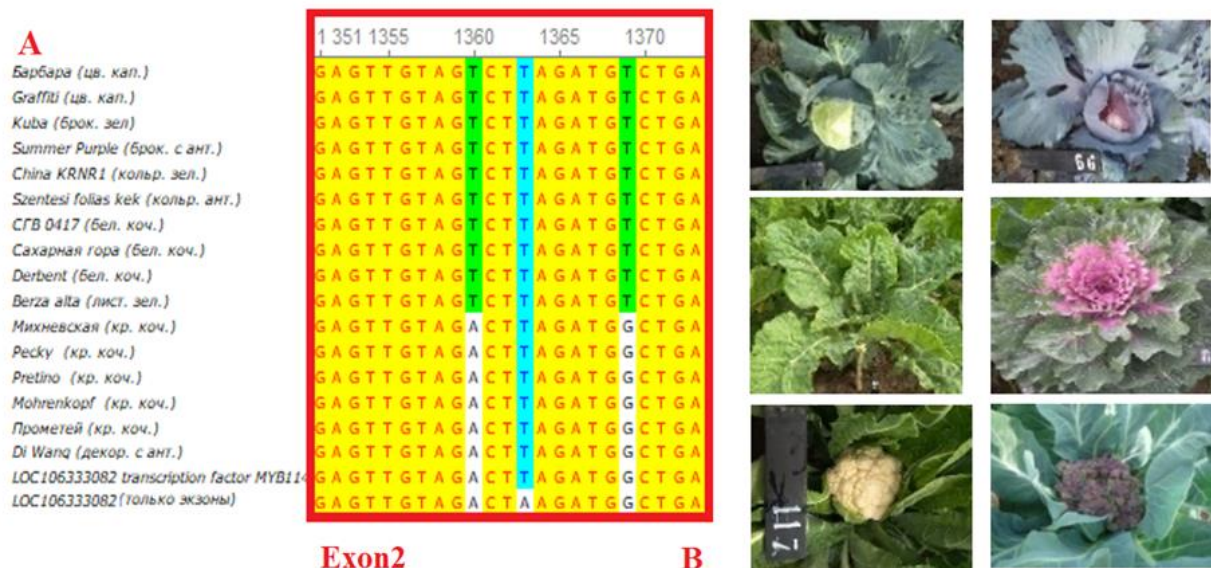


Рисунок. Полиморфизм гена *Myb114* у капустных культур и его связь с фенотипом:

А – часть экзона 2 гена *Myb114* *B. oleracea*,

В – фенотипическое проявление антоциановой окраски у разновидностей капусты огородной

Работа выполнена при поддержке гранта РФФИ № 20–516–00017Бел_а, а также гранта Белорусского республиканского фонда фундаментальных исследований Б20Р-285 «Изучение генетических механизмов регуляции накопления антоцианов и каротиноидов у овощных пасленовых (*Solanaceae*) и капустных (*Brassicaceae*) культур».

Список литературы

1. Babak O., Nikitinskaya T., Nekrashevich N., Yatsevich K., Kilchevsky A. Identification of DNA Markers of Anthocyanin Biosynthesis Disorders Based on the Polymorphism of *Anthocyanin 1* Tomato Ortholog Genes in Pepper and Eggplant // Crop Breed Genet Genom. 2020. Vol. 2, No 3. Article ID: e200011. DOI: 10.20900/cbagg20200011

ИСПОЛЬЗОВАНИЕ ШТАММА *K599 AGROBACTERIUM RHIZOGENES* ДЛЯ ПОЛУЧЕНИЯ ТРАНСГЕННЫХ РАСТЕНИЙ

Э. А. Баймухаметова*, З. А. Бережнева, Х. Г. Мусин, Д. Ю. Швец, Б. Р. Кулуев
Институт биохимии и генетики – обособленное структурное подразделение Уфимского
федерального исследовательского центра Российской академии наук, Уфимский
федеральный исследовательский центр Российской академии наук, Уфа, Республика
Башкортостан, Россия, *elvina.baimuhametova@yandex.ru

USE OF STRAIN *K599 AGROBACTERIUM RHIZOGENES* FOR OBTAINING TRANSGENIC PLANTS

E. A. Baimukhametova*, Z. A. Berezhneva, Kh. G. Musin, D. Yu. Shvets, B. R. Kuluev
Institute of Biochemistry and Genetics – Subdivision of the Ufa Federal Research Centre of the
Russian Academy of Sciences, Ufa Federal Research Centre of the Russian Academy of
Sciences, Ufa, Republic of Bashkortostan, Russia, *elvina.baimuhametova@yandex.ru

Бактерии вида *Agrobacterium rhizogenes* способны индуцировать образование волосовидных корней в месте инфицирования растений. Для этих целей чаще всего применяются агропиновые штаммы *A4*, *15834* (Gumerova et al., 2018), *LBA9402* (Qin et al., 2022), фенотипические проявления которых хорошо изучены на модельном объекте табаке *Nicotiana tabacum*. Реже применяется штамм *K599*, используемый преимущественно для индукции образования волосовидных корней у растений семейства Бобовые (Aggarwal et al., 2018). Целью данного исследования было изучение эффекта трансформации табака кукумопиновым штаммом *A. rhizogenes K599*.

Трансформация была проведена по стандартной методике путем инокуляции предварительно стерилизованных листовых дисков с ночной культурой агробактерий. Совместное культивирование эксплантов с агробактериями проводили на питательной среде МС в течение 48 часов, после чего элиминировали агробактерии, добавляя в среду антибиотик цефотаксим (250 мг/л). Через 10 дней на листовых эксплантах начинали появляться спонтанные точки регенерации (рисунок, а) вместо ожидаемых волосовидных корней, причем последние начали образовываться лишь через 18 дней после инокуляции. В среднем, на один эксплант приходилось лишь 0,77 корней, в то время как число побегов-регенерантов в среднем было равно 6. Примечательно, что образование и развитие не только корней, но и регенерантов происходило на безгормональной среде (рисунок, б). Через 45 дней образовавшиеся побеги отделяли от материнского экспланта и пересаживали на свежую питательную среду также без гормонов для изучения возможности индукции корнеобразования. Из 87 пересаженного побега 21 побег погиб, лишь 2 образовали корни, для оставшихся потребовалось добавление ИУК (0,2 мг/л). Из 66 укоренных побега была выделена ДНК и проведен ПЦР анализ для исследования вставки генов *rol A*, *B*, *C* гена, который показал наличие вставки в 64 исследованных побегах. Таким образом 96,97% всех прямых побегов-регенерантов содержат *rol*-гены. Побеги с развитой корневой системой пересаживали на почвенный субстрат и акклиматизировали. Полученные растения

отличались фенотипом, характерным для растений, трансгенных по *rol*-генам: темно-зеленые морщинистые листья и укороченные междоузлия.

Таким образом, в отличие от трансформации другими штаммами *A. rhizogenes*, трансформация штаммом *K599* табака приводит преимущественно к образованию побегов, в то время как волосовидных корней образуется гораздо меньше. Образующиеся волосовидные корни по фенотипическим характеристикам не отличались от корней, образованных штаммами *A4* и *15834* (рисунок, в). При отделении от экспланта и пересадке на свежую среду они начинали быстро расти и ветвиться. Способность к индукции побегообразования говорит о возможности использования штамма *K599* для получения трансгенных растений на безгормональных средах при использовании бинарных векторных систем.

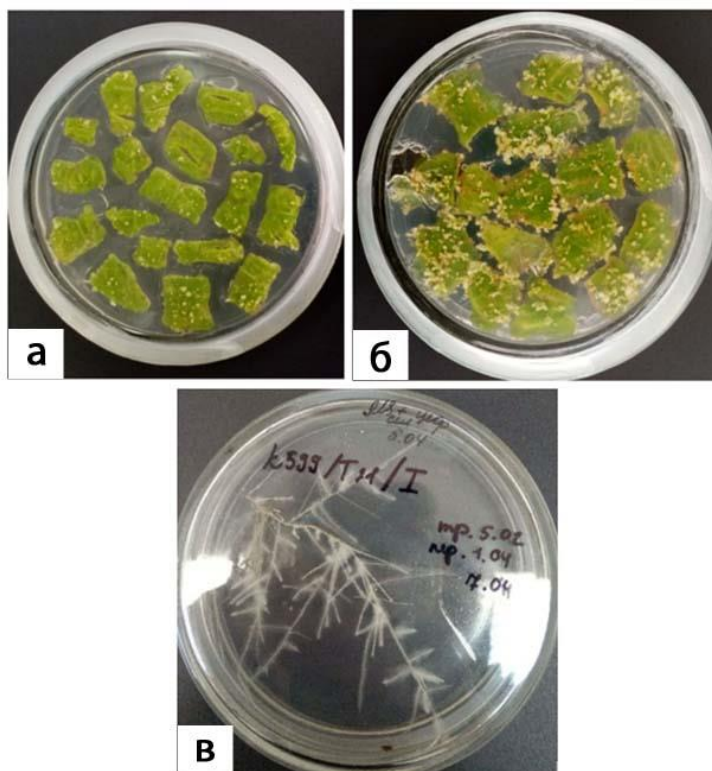


Рисунок. Результаты трансформации листовых дисков табака агробактериями *Agrobacterium rhizogenes* штамма *K599*: а – появление спонтанных точек регенерации на эксплантах, б – регенерация прямых побегов, в – волосовидные корни, образовавшиеся на эксплантах и пересаженные на среду М

Список литературы

1. Aggarwal P.R., Nag P., Choudhary P., Chakraborty N., Chakraborty S. Genotype-independent *Agrobacterium rhizogenes*-mediated root transformation of chickpea: a rapid and efficient method for reverse genetics studies // *Plant Methods*. 2018. Vol. 14, No. 55. DOI: 10.1186/s13007-018-0315-6
2. Gumerova G.R., Chemeris A.V., Nikonorov Yu.M., Kuluev B.R. Morphological and molecular analysis of isolated cultures of tobacco adventive roots obtained by the methods of biolistic bombardment and agrobacterial transformation // *Russian Journal of Plant Physiology*. 2018. Vol. 65, No. 5. P. 740–749. DOI: 10.1134/S1021443718050072
3. Qin S., Liu Y., Yan J., Lin S., Zhang W., Wang B. An optimized tobacco hairy root induction system for functional analysis of nicotine biosynthesis-related genes // *Agronomy*. 2022. Vol. 12. Article ID: 348. DOI: 10.3390/agronomy12020348

РОЛЬ ГЕНА *PtrXTH1* В РЕГУЛЯЦИИ СТРЕССОУСТОЙЧИВОСТИ ТРАНСГЕННЫХ РАСТЕНИЙ ТАБАКА В УСЛОВИЯХ ГИПОТЕРМИИ

З. А. Бережнева, Х. Г. Мусин, Б. Р. Кулуев

Институт биохимии и генетики – обособленное структурное подразделение Уфимского федерального исследовательского центра Российской академии наук, Уфимский федеральный исследовательский центр Российской академии наук, Уфа, Республика Башкортостан, Россия

THE ROLE OF THE *PtrXTH1* GENE IN THE REGULATION OF STRESS RESISTANCE OF TRANSGENIC TOBACCO PLANTS IN THE HYPOTHERMIA CONDITIONS

Z. A. Berezhneva, K. G. Musin, B. R. Kuluev

Institute of Biochemistry and Genetics, Ufa Federal Research Centre of the Russian Academy of Sciences, Ufa Federal Research Centre of the Russian Academy of Sciences, Ufa, Republic of Bashkortostan, Russia

Ксилоглюканэндотрансгликозилазы (ХТН) – апопластические ферменты, обнаруженные практически у всех представителей царства растения. Они осуществляют реакцию трансгликозилирования ксилоглюканов, при котором одна цепочка ксилоглюкана расщепляется, а затем снова присоединяется к концу другого ксилоглюкана (Fry et al., 1992). ХТНs участвует в процессах удлинения гипокотилей, инициации роста корневых волосков, реструктуризации клеточной стенки и ответных реакциях на действие неблагоприятных условий среды (Miedes et al., 2010). Абиотические стрессы, которые являются основными ограничивающими факторами в сельском хозяйстве, включают такие условия, как воздействие высоких или низких температур.

Трансгенные растения табака *Nicotiana tabacum* L. сорта ‘Petit Havana’ линии SR1 со сверхэкспрессией гена ксилоглюканэндотрансгликозилазы *PtrXTH1* были получены с помощью метода агробактериальной трансформации листовых дисков (Кулуев и др., 2018). У трансгенных растений табака со сверхэкспрессией гена ксилоглюканэндотрансгликозилазы *PtrXTH1* при выращивании на вертикально-ориентированных чашках Петри при стандартных условиях достоверное увеличение длины корней по сравнению с диким типом было выявлено только у линий 3, 17 и 25 (рисунок, а). В то же время все линии трансгенных растений табака показали достоверное увеличение прироста при гипотермии, по сравнению с диким типом (рисунок, б), за счет стимуляции роста клеток растяжением. Гипотермия (12°C) негативно действует на растения посредством повышения уровня окислительного стресса и образования АФК в клетках. В корнях проанализированных трансгенных растений было обнаружено более высокое содержания белка по сравнению с диким типом при воздействии гипотермии (рисунок, в). Общая антиоксидантная способность (ОАС) (рисунок, г), содержание пролина (рисунок, д) и восстановленного глутатиона (GSH) (рисунок, е) в корнях трансгенных растений табака со сверхэкспрессией исследуемого гена была выше и в стандартных условиях, и при воздействии гипотермии по сравнению с диким типом.

Таким образом, ксилоглюканэндотрансгликозилазы оказывают стимулирующее действие на рост корней в условиях низких положительных температур за счет усиления роста клеток растяжением и активации компонентов антиоксидантной системы.

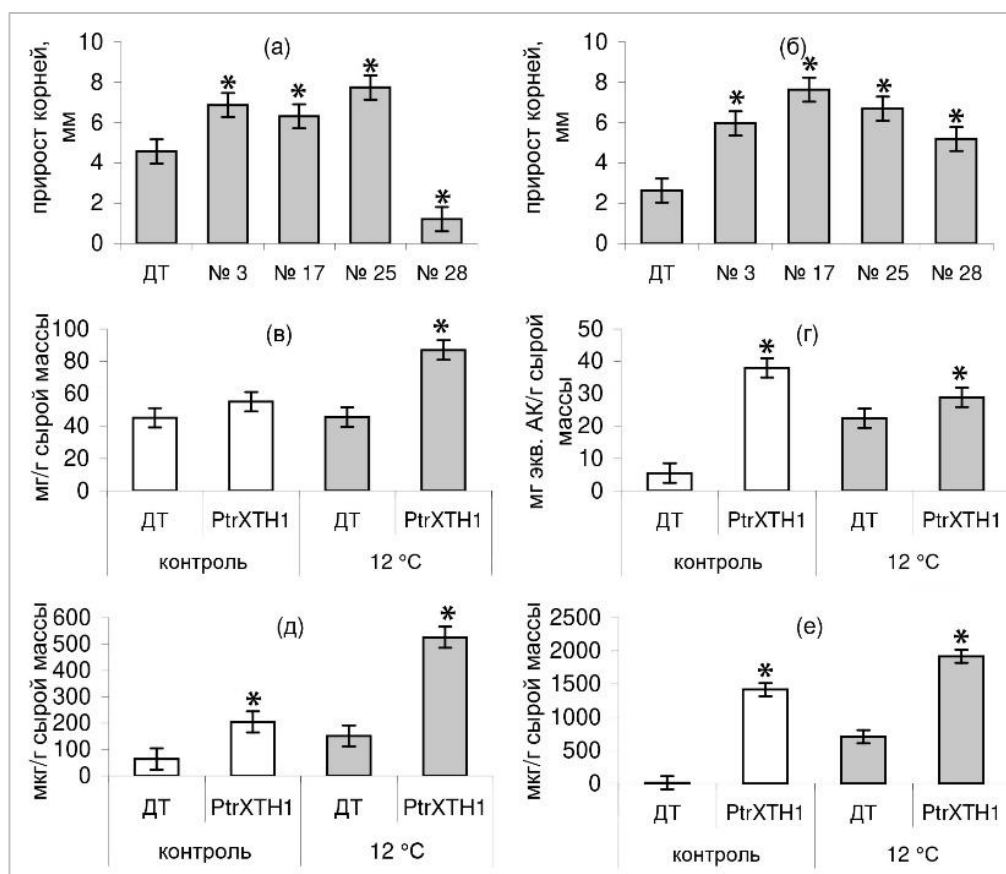


Рисунок. Прирост корней трансгенных растений табака со сверхэкспрессией гена *PtrXTH1*:
(а) – прирост корней табака в стандартных условиях;
(б) – прирост корней табака при гипотермии (12°C); (в) – оценка содержания белка в корнях трансгенных растений табака со сверхэкспрессией гена *PtrXTH1*.

Анализ антиоксидантной системы табака дикого типа и трансгенных растений со сверхэкспрессией гена *PtrXTH1* при нормальных условиях и при воздействии гипотермии (12°C) через 10 дней после начала опыта на вертикально-ориентированных чашках Петри:

(г) – общая антиоксидантная способность; (д) – содержание пролина;
(е) – содержание восстановленного глутатиона (GSH). ДТ – дикий тип.

Звездочками (*) обозначены достоверно различающиеся результаты прироста корней после статистического анализа согласно тесту Duncan ($P < 0,05$)

Список литературы

1. Кулуев Б.Р., Бережнева З.А., Князев А.В., Никоноров Ю.М., Чемерис А.В. Участие генов ксилотрансгликозилаз *PtrXTH1* и *PnXTH1* в регуляции роста и адаптации растений к стресс-факторам // Физиология растений. 2018. Т. 65, № 1. С. 34–45. DOI: 10.7868/S0015330318010037
2. Fry S.C., Smith R.C., Renwick K.F., Martin D.J., Hodge S.K., Matthews K.J. Xyloglucan endotransglycosylase, a new wall-loosening enzyme activity from plants // Biochemical Journal. 1992. № 282 (3). P. 821–828. DOI: 10.1042/bj2820821
3. Miedes E., Herbers K., Sonnewald U., Lorences E.P. Overexpression of a Cell Wall Enzyme Reduces Xyloglucan Depolymerization and Softening of Transgenic Tomato Fruits // Journal of Agricultural and Food Chemistry. 2010. No. 58 (9). P. 5708–5713. DOI:10.1021/jf100242z

РОЛЬ ГЕНА ТРАНСКРИПЦИОННОГО ФАКТОРА *ABI3* В РЕГУЛЯЦИИ БИОСИНТЕЗА ЗАПАСНЫХ БЕЛКОВ СЕМЯН ГОРОХА

К. П. Гайнуллина, С. Д. Румянцев, Б. Р. Кулуев

Институт биохимии и генетики – обособленное структурное подразделение Уфимского федерального исследовательского центра Российской академии наук, Уфимский федеральный исследовательский центр Российской академии наук, Уфа, Республика Башкортостан, Россия, karina28021985@yandex.ru

THE ROLE OF THE TRANSCRIPTION FACTOR GENE *ABI3* IN THE REGULATION OF BIOSYNTHESIS OF PEA SEED STORAGE PROTEIN

K. P. Gainullina, S. D. Romyantsev, B. R. Kuluev

Institute of Biochemistry and Genetics – Subdivision of the Ufa Federal Research Centre of the Russian Academy of Sciences, Ufa Federal Research Centre of the Russian Academy of Sciences, Ufa, Republic of Bashkortostan, Russia, karina28021985@yandex.ru

Горох посевной (*Pisum sativum* L.) является одной из важнейших зернобобовых культур в мире (Warkentin et al., 2020; Гайнуллина и др., 2020). Качество зерна гороха в первую очередь определяется содержанием и качественным составом белка. В семенах гороха мировой коллекции ВИР количество белка колеблется от 18,6 до 35,7% (Зеленов А.Н., Зеленов А.А., 2016). Известно, что у гороха интенсивное накопление питательных веществ (углеводов, жирных кислот, запасных белков) в семенах при их созревании регулируется транскрипционными факторами LEC1, LEC2, FUSCA3 (*FUS3*) и *ABI3* (Malovichko et al., 2020). Анализ нуклеотидных последовательностей генов данных транскрипционных факторов у гороха с целью поиска SNP-маркеров, ассоциированных с повышенным содержанием протеина в семенах, позволит повысить эффективность селекции в отношении создания новых сортов, характеризующихся ценным по качеству зерном.

Материалом для исследования послужили 53 сортообразца гороха посевного различного эколого-географического происхождения из коллекции ВИР. Концентрацию белка в семенах определяли по методу Брэдфорда на планшетном спектрофотометре LS 55 Luminescence Spectrometer (PerkinElmer, США) в трехкратной повторности. Праймеры к кодирующему участку гена транскрипционного фактора *ABI3* подбирали с помощью программы PrimerSelect (DNASar, США). Для амплификации целевого фрагмента размером 1426 пн использовали праймеры F-5'ATGGTGAATGAAAGAGAAGAAGAC-3' и R-5'AACSTTGATGATGATTCSTATGAT-3'. ПЦР проводили в амплификаторе «Т-100» («Bio-Rad Laboratories», США). Конечный объем реакционной смеси составлял 25 мкл и содержал 1 мкл раствора тотальной ДНК, 12,5 мкл раствора Dream Taq™ PCR Master Mix («Thermo Fisher Scientific», Литва), по 1 мкл каждого праймера («Евроген», Россия) и 9,5 мкл стерильной деионизированной воды. Амплификация проводилась по следующей программе: начальная денатурация при 95°C – 3 мин; 40 циклов: денатурация при 95°C – 30 с, отжиг праймеров при $T_m = 56^\circ\text{C}$ – 40 с, элонгация при 72°C – 1 мин 10 с; конечная элонгация при 72°C – 10 мин. Продукты амплификации разделяли методом горизонтального электрофореза в камере Sub-Cell GT («Bio Rad», США) в 1% агарозном геле в течение 1 ч при напряжении 120 В. Визуализацию и документирование результатов электрофореза осуществляли в гель-документирующей системе Gel Doc™ EZ System («Bio Rad», США) с помощью программного обеспечения Image Lab™ Software. Для определения нуклеотидной последовательности амплифицированных фрагментов проводили их секвенирование в ООО «Евроген». Для очистки ампликонов перед секвенированием использовали набор реагентов «diaGene» («Диаэм», Россия). Сравнительный анализ нуклеотидных последовательностей кодирующего участка гена *ABI3* у сортообразцов

гороха с высоким и низким содержанием белка в семенах выполняли с помощью программы MegAlign (DNASStar, США).

В результате проведенного исследования нами были выделены сортообразцы с наиболее высоким (23–25%) содержанием белка в семенах – ‘Чишминский 95’, ‘Аксайский усатый 55’, ‘Амброзия’, ‘Сахарный’, ‘Орегон Шуга’ и наиболее низким (18–19%) – К-8361 (Великобритания), К-5962 (Португалия), ‘Спутник’, ‘Указ’, И-0141081, ‘Фрегат’, ‘Красноуфимский 93’, ‘Кабан’, ‘Омский 9’, ‘Неосыпающийся 1’, КТ-6455, И-0141093, К-8303 (Дания), ‘Легион’. Для сравнительного анализа нуклеотидных последовательностей кодирующего участка гена *ABI3* из группы высокобелковых сортообразцов были отобраны сорта ‘Аксайский усатый 55’ и ‘Сахарный’, из группы низкобелковых – сортообразцы ‘Фрегат’ и К-8361 (Великобритания). В результате амплификации геномной ДНК, выделенной из данных образцов, с разработанными нами праймерами были получены фрагменты размером около 1426 п.н. (рисунок).

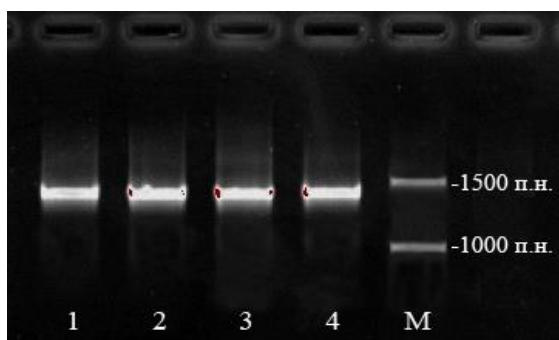


Рисунок. Электрофоретические спектры сортообразцов гороха, полученные при амплификации кодирующего участка гена *ABI3*:
1 – ‘Аксайский усатый 55’, 2 – ‘Сахарный’, 3 – ‘Фрегат’, 4 – К-8361 (Великобритания);
М – ДНК-маркер Step 50plus («Диаэм»)

После секвенирования и сравнительного анализа нуклеотидных последовательностей было установлено, что у сорта ‘Сахарный’, принадлежащего к группе сортов овощного направления использования и характеризующегося высоким содержанием белка в семенах, в кодирующем участке гена *ABI3* имеется инсерция из 9 н. (TTGTTGATG) в позиции 1103–1112 п.н., у низкобелкового зернового сорта ‘Фрегат’ – однонуклеотидная вставка (Т) в позиции 1238 п.н. По сравнению с аннотированной в GeneBank нуклеотидной последовательностью участка гена транскрипционного фактора гороха *ABI3* под номером AV080195.1 все 4 изученные нами сорта имеют следующие отличия: замены А→G, ТC→CA, Т→C, C→T, А→T в позициях 39, 852-853, 891, 1038, 1187 п.н. соответственно, а также 6-нуклеотидную делецию (ATCATC) в позиции 257–263 п.н. После получения подтверждения результатов исследования у других сортообразцов гороха, различающихся по содержанию белка в семенах, выявленные мутации будут предложены в качестве ДНК-маркеров для маркер-ориентированной селекции гороха.

Список литературы

1. Гайнуллина К.П., Кулуев Б.Р., Давлетов Ф.А. Оценка генетического разнообразия сортов и линий гороха с помощью SSR-анализа // Труды по прикладной ботанике, генетике и селекции. 2020. Т. 181, вып. 3. С. 70–80. DOI: 10.30901/2227-8834-2020-3-70-80
2. Зеленов А.Н., Зеленов А.А. Повышение биоэнергетического потенциала растения – актуальная проблема селекции гороха // Зернобобовые и крупяные культуры. 2016. № 4(20). С. 9–15.

3. Malovichko Y.V., Shtark O.Y., Vasileva E.N., Nizhnikov A.A., Antonets K.S. Transcriptomic insights into mechanisms of early seed maturation in the garden pea (*Pisum sativum* L.) // *Cells*. 2020. Vol. 9, No. 3. Article ID: 779. DOI: 10.3390/cells9030779

4. Warkentin T., Kolba N., Tako E. Low phytate peas (*Pisum sativum* L.) improve iron status, gut microbiome, and brush border membrane functionality *in vivo* (*Gallus gallus*) // *Nutrients*. 2020. Vol. 12, No. 9. Article ID: 2563. DOI: 10.3390/nu12092563.

АЛЛЕЛИ ЛОКУСОВ ВЫСОКОМОЛЕКУЛЯРНЫХ СУБЪЕДИНИЦ ГЛЮТЕНИНА У СОРТОВ МЯГКОЙ ПШЕНИЦЫ (*TRITICUM AESTIVUM* L.) ПРЕДУРАЛЬСКОЙ СТЕПНОЙ ЗОНЫ

А. А. Галимова, Б. Р. Кулуев

Институт биохимии и генетики – обособленное структурное подразделение Уфимского федерального исследовательского центра Российской академии наук, Уфимский федеральный исследовательский центр Российской академии наук, Уфа, Республика Башкортостан, Россия, aiz.galimova@yandex.ru

ALLELES OF HIGH MOLECULAR GLUTENIN SUBUNIT LOCI IN VARIETIES OF THE ANTE-URAL STEPPE ZONE COMMON WHEAT (*TRITICUM AESTIVUM* L.)

A. A. Galimova, B. R. Kuluev

Institute of Biochemistry and Genetics – Subdivision of the Ufa Federal Research Centre of the Russian Academy of Sciences, Ufa Federal Research Centre of the Russian Academy of Sciences, Ufa Federal Research Centre of the Russian Academy of Sciences, Ufa, Republic of Bashkortostan, Russia, aiz.galimova@yandex.ru

Высокомолекулярные субъединицы глютеина (ВМСГ) являются важными факторами, влияющими на хлебопекарные качества мягкой пшеницы. ВМСГ определяют каркас клейковины и в последующем, после выпекания, структуру хлеба, поскольку межмолекулярные дисульфидные связи образуются именно посредством данных молекул. Гены глютеинов *Glu-A1*, *Glu-B1*, *Glu-D1* располагаются на хромосомах первой гомеологичной группы (Shewry, Halford, 2002) и имеют два тесно связанных локуса, кодирующих белки х- и у-типа. Поэтому, аллели генов *Glu-1* (*Glu-A1*, *Glu-B1*, *Glu-D1*) определяются сочетанием белков х- и у-типа. К примеру, сочетание субъединиц х- и у-типа субгена В – Vx7+Vy9 – определяют аллель с субгена В (таблица). Разные аллели генов глютеинов ассоциированы с высокими или низкими показателями хлебопекарных качеств (Конарев, 2000). Кроме того, для генов *Glu-1* характерен высокий генетический полиморфизм (Bekes et al., 2008). Поэтому, выявление аллельного состава ВМСГ является важной и актуальной задачей для маркер-ориентированной и геномной селекции сортов мягкой пшеницы в целях их улучшения по хлебопекарным качествам.

Объектами исследования были 12 озимых и 12 яровых сортов мягкой пшеницы, районированных к условиям Предуральской степной зоны (ПСЗ). Геномную ДНК выделяли методом СТАБ. Генотипирование образцов по гену *Glu-1* проводили с использованием 6 пар геном-специфичных праймеров: к субгену А – праймеры UMN19F/19R, субгену В – VxF/R, P5, P6, субгену D – UMN25F/25R, UMN26F/26R.

Проведенный нами генетический анализ озимых и яровых сортов мягкой пшеницы показал наличие в исследуемой группе сортов 5 разных сочетаний аллелей генов ВМСГ *Glu-1*: *a/c b/al d*, *a/c c d*, *b b/al d*, *b c a*, *b c d* (см. таблицу). При этом у озимых сортов выявлены три из них, у яровых – четыре (рисунок).

Таблица. Субъединицы ВМСГ и соответствующие им аллели генов *Glu-1*

№	Субъединица ВМСГ			Аллели гена ВМСГ <i>Glu-1</i>		
	Glu-A1	Glu-B1	Glu-D1	Glu-A1	Glu-B1	Glu-D1
1	1/null	7+9	5+10	a/c	c	d
2	1/null	7+8/ Vx7 ^{OE} +By8(By8*)	5+10	a/c	b/al	d
3	2*	7+8/ Vx7 ^{OE} +By8(By8*)	5+10	b	b/al	d
4	2*	7+9	2+12	b	c	a
5	2*	7+9	5+10	b	c	d

Известно, что на хорошие хлебопекарные качества сорта (эластичность и прочность теста, объем буханки) значительное влияние оказывают в первую очередь субъединицы, кодируемые субгеномом D, затем – субгеномом В, наименьшее влияние оказывают субъединицы субгенома А. Так, в ходе ПЦР-анализа выявлено, что по субгеному D все озимые сорта несут аллель *d*, кодирующей субъединицы Dx5+Dy10 и характеризующийся образованием более упругого теста по сравнению с мукой из пшеницы, содержащей аллель *a* (субъединицы Dx2+Dy12). Аллель *a* субгенома D обнаружен у четверти (25%) исследуемой группы яровых сортов мягкой пшеницы ПСЗ. ПЦР-анализ выявил наличие двух разных аллелей по субгеному В у исследуемых групп сортов мягкой пшеницы. Большинство сортов как в группе озимых, так и в группе яровых несут аллель *c* (субъединицы Vx7+By9): 83,33% – озимых и 66,66% яровых сортов. Считается, что данный аллель широко распространен и встречается во многих сортах пшеницы. Остальные сорта обеих групп пшениц несут либо аллель *b* (субъединицы Vx7+By8), либо аллель *al* (субъединицы Vx7^{OE}+By8(By8*)) (для дифференцировки этих аллелей необходимо проведение дальнейших исследований). При селекции на повышение хлебопекарных качеств более предпочтительным является аллель *b*. Результаты исследования субгенома А показали различия аллельного состава у озимых и яровых сортов мягкой пшеницы: большинство озимых сортов несут аллель *a/c* (75%), тогда как яровые сорта – аллель *b* (91,66%) (см. рисунок).

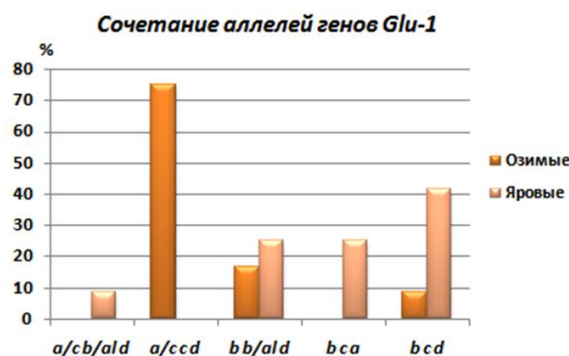


Рисунок. распределение сочетаний аллелей генов *Glu-1* (*Glu-A1*, *Glu-B1*, *Glu-D1*) в группе озимых и яровых сортов мягкой пшеницы Предуральской степной зоны

Таким образом, генетический анализ генов ВМСГ у озимых и яровых сортов мягкой пшеницы ПСЗ показал, что исследуемые сорта несут аллели, ассоциированные с отличными и хорошими хлебопекарными качествами.

Список литературы

1. Конарев А.В., Конарев В.Г., Губарева Н.К., Пенева Т.И. Белки семян как маркеры в решении проблем генетических ресурсов растений, селекции и семеноводства // Цитология и генетика. 2000. Т. 34. С. 91–104.

2. Bekes F., Cavanagh C.R., Martinov S., Bushuk S., Wrigley C.W.F. The Gluten Composition of Wheat Varieties and Genotypes. PART II. Composition table for the HMW subunits of glutenin. 3rd ed. USA: AACCC International; St. Paul, MN, 2008.

3. Shewry P.R., Halford N.G. Cereal seed storage proteins: Structures, properties and role in grain utilization // Journal of Experimental Botany. 2002. Vol. 53. P. 947–958. DOI: 10.1093/jexbot/53.370.947

ИССЛЕДОВАНИЕ ПРИЗНАКА ЧЕРНОЙ ОКРАСКИ ЗЕРНОВКИ ЯЧМЕНЯ С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ МАТЕРИАЛА БИОРЕСУРСНЫХ КОЛЛЕКЦИЙ

А. Ю. Глаголева*¹, О. Ю. Шоева¹, О. Н. Ковалева², Е. К. Хлесткина^{1,2}

¹Федеральный исследовательский центр Институт цитологии и генетики Сибирского отделения Российской академии наук, Новосибирск, Россия, *glagoleva@bionet.nsc.ru

²Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова, Санкт-Петербург, Россия

INVESTIGATION OF BLACK COLOR OF BARLEY GRAIN USING PLANT GENETIC RESOURCES COLLECTIONS

A. Y. Glagoleva*¹, O. Y. Shoeva¹, O. N. Kovaleva², E. K. Khlestkina^{1,2}

¹Federal Research Center Institute of Cytology and Genetics of the Siberian Branch of the Russian Academy of Sciences, Novosibirsk, Russia, *glagoleva@bionet.nsc.ru

²N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources, St. Petersburg, Russia

Пигментация зерновки является важным таксономическим признаком при определении разновидностей ячменя (*Hordeum vulgare* L.). В зависимости от типа пигмента и его локализации в оболочках зерновки, можно выделить несколько типов окраски колоса. Голубая и фиолетовая окраски ячменя обусловлены накоплением пигментов антоцианов в алейроновом слое и перикарпе, соответственно. Черная или коричневая окраска зерновки связана с синтезом пигментов меланинов в перикарпе и цветковых чешуях. Антоцианы, относящиеся к группе флавоноидов, являются вторичными метаболитами растений и участвуют в регуляции роста и развития, защите от неблагоприятных факторов среды. Благодаря своим антиоксидантным свойствам, антоцианы являются компонентами функционального питания человека и полезны для профилактики сердечно-сосудистых и нейродегенеративных заболеваний. В отличие от антоцианов, меланины, образующиеся в результате окисления и полимеризации фенольных соединений, являются наименее изученной группой пигментов растений. Известно, что накопление меланина в оболочках семян может давать растениям некоторые преимущества, повышая их устойчивость к холоду, засухе и действию патогенов по сравнению с неокрашенными растениями. Генетическая природа синтеза меланина у растений на данный момент остается малоизученной. У ячменя данный признак находится под моногенным контролем локуса *Vlp1*, локализованном на длинном плече хромосомы 1Н, однако конкретный ген, связанный с синтезом меланина в зерновке ячменя, остается невыделенным.

Данная работа была посвящена изучению распространения темной окраски зерновки ячменя в коллекции ВИР, а также картированию гена из локуса *Vlp1*, ответственного за синтез меланина, с использованием материала коллекций ячменя ВИР и ИЦиГ СО РАН. Для исследования распространения темной окраски зерновки были выбраны 150 образцов ячменя, пигментный состав которых был определен при помощи качественных химических реакций на антоцианы и меланин, а также визуального наблюдения за развитием пигментации в ходе созревания колоса. Было установлено, что для большинства образцов

темная окраска зерновки обусловлена самостоятельным накоплением меланина (60% от общего количества), в то время как темноокрашенные образцы, накапливающие одновременно антоцианы и меланины в оболочках зерновки, либо только антоцианы представлены в меньшей степени и составляют 14% и 14,6% соответственно.

Для точного картирования гена, ответственного за синтез меланина в колосе ячменя, были использованы две выборки с меланином в зерновке и без. Были разработаны аллель-специфичные ПЦР-маркеры в локусе *Vlp1* и проведено генотипирование образцов коллекций для поиска ассоциации аллелей с признаком. В результате был выявлен ПЦР-маркер, аллели которого значимо ассоциированы с наличием меланина. Частоты встречаемости аллелей данного маркера составили 100% и 96,6% в коллекциях черноокрашенного и неокрашенного ячменя соответственно. Было установлено, что выявленный аллель сцеплен с геном, кодирующим сигнальный пептид из семейства генов *CLAVATA*. При помощи секвенирования данного гена в образцах ячменя, накапливающих меланин и имеющих различное географическое происхождение, включая образцы дикого ячменя (*Hordeum spontaneum* Koch.), было показано, что для всех проанализированных образцов характерно наличие определенного гаплотипа, представленного девятью совместно наследуемыми полиморфизмами. Можно предположить, что данный гаплотип имеет монофилетическое происхождение и возник до доместикации ячменя.

Таким образом, было показано, что темная окраска колоса ячменя преимущественно связана с самостоятельным накоплением меланина в оболочках зерновки, а также выявлен гаплотип, ассоциированный с присутствием меланина, и предположено его монофилетическое происхождение.

Работа выполнена при поддержке гранта РФФИ № 20-316-90033.

ГЕНЕТИЧЕСКОЕ РАЗНООБРАЗИЕ РОССИЙСКИХ СОРТОВ МЯГКОЙ ПШЕНИЦЫ ПО УСТОЙЧИВОСТИ К БУРОЙ РЖАВЧИНЕ

Е. И. Гульяева

Всероссийский научно-исследовательский институт защиты растений, Санкт-Петербург, Россия, eigulyaeva@gmail.com

GENETIC DIVERSITY OF RUSSIAN COMMON WHEAT CULTIVARS IN LEAF RUST RESISTANCE

E. I. Gulyaeva

All-Russian Institute of Plant Protection, St. Petersburg, Russia, eigulyaeva@gmail.com

Бурая (листовая) ржавчина (возбудитель *Puccinia triticina* Eriks.) – экономически значимая болезнь пшеницы во всех регионах возделывания (Санин, 2010). В России селекция на устойчивость к бурой ржавчине проводится с начала прошлого века. Актуальность ее была обозначена А. А. Ячевским в 1910 г. в монографии «Болезни растений»: «У нас, к сожалению, и теперь еще полагают, что вся наука о больших растениях заключается лишь в опрыскиваниях бордоской жидкостью, или каким либо другим составом, после чего можно сложа руки ожидать результат: поэтому нам показалось уместным подробнее остановиться на вопросе о предрасположении растений к заболеваниям, так как мы вполне убеждены, что центр тяжести всей практической фитопатологии лежит именно в устойчивости, а всякие лечебные свойства являются лишь паллиативы и вспомогательные способы борьбы». Широкое общественное обсуждение данная проблема получила на I съезде по селекции сельскохозяйственных растений,

семеноводству и распространению семенного материала в Харькове в 1911 г. Именно на эти материалы ссылался Н. И. Вавилов (1913) в своей монографии «К вопросу об устойчивости хлебных злаков», где выведение устойчивых сортов он выделил первостепенной задачей в защите пшеницы от ржавчины.

Передача устойчивости к бурой ржавчине российским сортам мягкой пшеницы проводилась от разных доноров. В середине прошлого столетия во многих селекцентрах России широко использовали сорта 'Rieti', 'Kichener', 'Kanred' и 'Klein 33', 'Neuzucht', 'Selkirk', 'Lee', 'Timshtein', 'RedRiver 68', 'Norman', 'Sonora 64', 'Lerma Rojo', 'Mentana', 'Maria Escobar', 'Supremo 211'. От них в российских сортах получили широкое распространение гены *Lr1*, *Lr2*, *Lr3*, *Lr10*, *Lr14b*, *Lr17*, *Lr16* (Жемчужина и др., 1992). В 1960–1970 гг. в гибридизацию стали активно привлекать сорта 'Аврора' и 'Кавказ' с пшенично-ржаной транслокацией с генами *Lr26*, *Sr31*, *Yr9*, *Pm8* и сорт 'Безостая 1' с кластером генов частичной устойчивости *Lr34*, *Sr57*, *Yr18*, *Pm38*. В 1980-х годах для производственного выращивания были предложены сорта отечественной селекции с геном *Lr23*. В этот же период в ряде селекционных учреждений России начали широко использовать доноры генов *Lr9* и *Lr19*. Первый сорт 'Л1503' с геном *Lr19* был включен в Государственный реестр в 1993 г., а с геном *Lr9* ('Терция') в 1995 г. Интенсивные системы земледелия с монопольным использованием генетически однородных сортов являлись одной из причин быстрой потери эффективности *Lr*-генов во второй половине XX и начале XXI века.

В 2010 годах во многих российских регионах начинает внедряться новая сортовая политика, основанная на переходе от монопольного использования сортов к расширению их ассортимента (Беспалова и др., 2014). Число озимых сортов, включенных в Государственный реестр селекционных достижений РФ, увеличилось в 4 раза по сравнению с 1990 годами (352 сорта на 2021 г. и 113 на 1996 г.), а яровых – в 2,5 раза (274 и 138 соответственно) (<http://gossort.com/index.html>). Исследования российских районированных сортов по устойчивости к бурой ржавчине и генетическому разнообразию проводятся во Всероссийском институте защиты растений (ВИЗР) с середины 1990 годов (Новожилов и др., 1998; Gulyaeva et al., 2021). Показано, что в 1996 г. доля высокоустойчивых сортов в Реестре составляла менее 4%. В 2005 г. она выросла до 15%. В 2006–2011 гг. устойчивостью к бурой ржавчине характеризовались свыше 3% озимых и 25% яровых сортов, и эта динамика сохраняется до настоящего времени (Gulyaeva et al., 2021).

Высокий уровень генетической защиты пшеницы достигается разнообразием по генам устойчивости. В последнее десятилетие в российской селекции стали широко использовать доноры известных эффективных ювенильных (*Lr24*, *Lr28*, *Lr29*, *Lr41(39)*, *Lr47*, *Lr51*) и возрастных (*Lr21*, *Lr37*, *Lr48*, *Lr49*) генов и сорта с новыми чужеродными генами (*Lr6Agi1*, *Lr6Agi2*, *LrSp*), неидентичными включенным в Каталог генных символов. Для расширения генетического разнообразия в современную гибридизацию активно привлекаются новые интрогрессивные линии и амфидиплоиды (Гультяева и др., 2019; Shamanin et al., 2019). Все это способствует расширению генетического разнообразия отечественных сортов. Для увеличения срока полезной жизни *Lr*-генов, утративших эффективность, используются стратегии их эффективного пирамидирования. Примером этого являются высокоустойчивые к бурой ржавчине районированные яровые сорта 'Омская 37', 'Омская 38' и 'Омская 44' с генами *Lr19* и *Lr26* и сорт 'Силач' с генами *Lr9* и *Lr26*. Показано, что в современном ассортименте пшеницы ювенильная устойчивость наиболее представлена у яровых сортов, а возрастная (полевая) у озимых (<https://gossortrf.ru/gosreestr>). Показано, что многие устойчивые к ржавчине озимые сорта несут различные сочетания малоэффективных генов *Lr1*, *Lr3*, *Lr10*, *Lr26* с геном частичной устойчивости *Lr34* (Gulyaeva et al., 2021). Выращивание этих сортов позволяет стабилизировать популяции патогена за счет снижения его репродуктивной способности, а не полной элиминации. В 2015 г. в Реестр включен первый сорт с эффективным геном

возрастной устойчивости *Lr37* ('Морозко'), и далее число сортов с этим геном стало увеличиваться. Современные молекулярные маркеры значительно облегчают проведение первичного скрининга материала и позволяют провести идентификацию *Lr*-генов как по отдельности, так и в различных сочетаниях.

Таким образом, за длительный период проведения селекции на устойчивость к бурой ржавчине в России достигнуты определенные результаты. Несомненно, наряду с другими факторами, это отразилось в снижении вредоносности болезни в последние годы.

Список литературы

1. Беспалова Л.А., Кудряшов И.Н., Аулов А.Н., Пономарев Д.А., Команов Е.А. Сортотипы – системный фактор интенсификации селекции и производства зерна пшеницы // Земледелие. 2014. № 5. С. 41–43.

2. Гуляева Е.И., Шайдаюк Е.Л., Рсалиев А.С. Идентификация генов устойчивости к бурой ржавчине у образцов яровой мягкой пшеницы российской и казахстанской селекции // Вестник защиты растений. 2019. № 3(101). С. 41–49. DOI: 10.31993/2308-6459-2019-3(101)-41-49

3. Жемчужина А.И., Назарова Л.Н., Дымченко А.М. Устойчивость сортов озимой пшеницы к бурой ржавчине // Селекция и семеноводство. 1992. № 1. С. 6–11.

4. Новожилов К.В., Левитин М.М., Михайлова Л.А., Гуляева Е.И. Принципы использования исходного материала в селекции пшеницы на устойчивость к бурой ржавчине // Вестник Российской академии сельскохозяйственных наук. 1998. № 1. С. 61–64.

5. Санин С.С. Контроль болезней сельскохозяйственных растений – важнейший фактор интенсификации растениеводства // Вестник защиты растений. 2010. № 1. С. 3–14.

6. Gulyaeva E.I., Shaydayuk E.L., Gannibal Ph.B. Leaf rust resistance genes in wheat cultivars registered in Russia and their influence on adaptation processes in pathogen populations // Agriculture. 2021. Vol. 11, No. 4. Article ID: 319. DOI: 10.3390/agriculture11040319

7. Shamanin V., Shepelev S., Pozherukova V., Gulyaeva E., Kolomiets T., Pakholkova E., Morgumov A. Primary hexaploid synthetics: Novel sources of wheat disease resistance // Crop Protection. 2019. Vol. 121. P. 7–10. DOI: 10.1016/j.cropro.2019.03.003

ДИНАМИКА ПЕРИОДА ПОКОЯ КЛУБНЕЙ У ПРИМИТИВНЫХ КУЛЬТУРНЫХ ВИДОВ КАРТОФЕЛЯ ИЗ КОЛЛЕКЦИИ ВИР

А. А. Гурина*¹, Е. А. Заварихина¹

¹Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова, Санкт-Петербург, Россия, *a.gurina@vir.nw.ru

TUBER DORMANCY DYNAMICS IN PRIMITIVE POTATO CULTIVARS OF THE VIR COLLECTION

A. A. Gurina*, E. A. Zavarikhina

N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources, St. Petersburg, Russia, *a.gurina@vir.nw.ru

Период покоя – физиологическое состояние, необходимое для выживания растения в неблагоприятных условиях (Suttle, 2007). Период покоя клубней является одной из важнейших физиологических характеристик сортового картофеля (*Solanum* L. sect. *Petota*). Для селекции интересны как растения, обладающие коротким периодом покоя клубней (для

создания двуурожайных сортов), так и наоборот, с хорошо выраженным длительным периодом покоя, который позволяет хранить и употреблять клубни в течении долгого времени без потери качества. Хорошо известно, что среди примитивных культурных видов картофеля встречаются образцы, как с отсутствующим, так и с ярко выраженным периодом покоя клубней. Этот признак наряду с другими, лег в основу разделения групп видов *S. phureja* Juz. & Bukasov и *S. stenotomum* Juz. & Bukasov (Hawkes, 1990).

Для начала прорастания клубней, как правило, не требуется никаких специфических экологических сигналов (Suttle, 2007). Этот признак зависит от очень многих факторов, включающих генетический контроль, физиологическое состояние клубня и взаимодействие с окружающей средой. В связи с чем чрезвычайно важно исследовать динамику периода покоя клубней в разных условиях среды.

Цель данного исследования – оценка динамики периода покоя клубней примитивных культурных видов картофеля при разных режимах хранения.

Материалами данного исследования послужили образцы *S. goniocalyx* Juz. & Bukasov, *S. stenotomum* и *S. phureja* из клоновой коллекции полевого генбанка ВИР (11, 34 и 64 образца соответственно). Для оценки периода покоя в течении двух лет у каждого растения через две недели после сбора урожая были отобраны по 10 клубней, являющихся наиболее типичными для данного генотипа. По пять клубней были помещены в теплые (комнатная температура, пониженная влажность) и холодные (хранилище температура выше +3°C, но ниже 10°C, с более высокой влажностью) условия. В течении четырех месяцев с периодичностью в три недели производилась оценка прорастания клубней. Регистрировалось число ростков, длина наибольшего ростка и его расположение. Изучение производилось в течении двух лет (урожай клубней 2019 и 2020 гг.).

Результаты исследования подтверждают значительные отличия между образцами *S. phureja* и *S. stenotomum* в динамике периода покоя клубней при хранении в холодных условиях (Hawkes, 1990). Уже при первых учетах (в сентябре и октябре), значительная часть образцов *S. phureja* имела ростки на клубнях вне зависимости от условий хранения. В то время как *S. stenotomum* при хранении в холоде лишь единичные клубни образовывали небольшие ростки в течении всего периода исследования (рисунок).

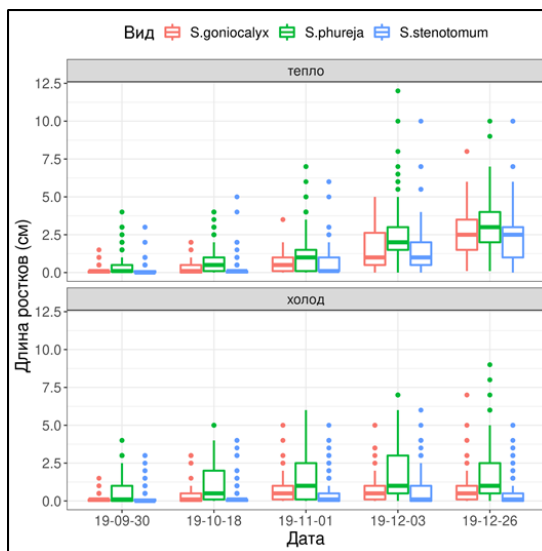


Рисунок. Динамика периода покоя клубней примитивных культурных видов в 2019 году

В то же время *S. goniocalyx*, который по мнению многих систематиков близок к *S. stenotomum* и не отличается от него по периоду покоя клубней, по нашим данным занимает промежуточное положение и к началу ноября большинство клубней этого вида обладает ростками, но меньшего размера, чем у клубней *S. phureja*.

При хранении в условиях комнатной температуры большая часть клубней у образцов всех исследуемых видов к началу декабря дала ростки. В начале хранения образцы *S. phureja* прорастали быстрее, чем два других вида, но к концу декабря эта разница практически нивелировалась (на рисунке показаны данные за 2019 год, результаты 2020 года их подтверждают).

Выделены единичные образцы *S. phureja* и *S. stenotomum* с признаками не типичными для данных видов: *S. stenotomum* (к-3637, к-9306) с рано прорастающими клубнями, *S. phureja* (к-3639, к-7086, к-8597) с клубнями, имеющими ярко выраженный период покоя.

Контрастность проявления этого признака при хранении в условиях низких температур и высокой влажности несомненна, что делает выделенные контрастные формы подходящими объектами для изучения генетического контроля этого признака. Отличия между видами *S. stenotomum* и *S. phureja* могут стать ключом для установления генетических факторов, определяющих длительность периода покоя клубней, и влияния условий среды. Что, несомненно, является важным для направленной селекции по этому признаку и контроля этого признака у возделываемых сортов картофеля.

Более 100 образцов примитивных культурных видов картофеля в течение двух лет были оценены по динамике периода покоя клубней. Установлено, что четкие различия между видами *S. phureja* и *S. stenotomum* проявляются только при хранении клубней в условиях низких температур. Отобраны образцы наиболее контрастные по динамике периода покоя, которые могут стать материалом для дальнейших исследований этого признака.

Список литературы

1. Hawkes J.G. The potato: Evolution, biodiversity and genetic resources. London : Belhaven Press, 1990. 259 p.
2. Suttle J.C. Dormancy and sprouting // Potato biology and biotechnology / D. Vreugdenhil et al. (eds). Elsevier Science, 2007. P. 287–309.

ИЗУЧЕНИЕ ГЕНЕТИЧЕСКОГО РАЗНООБРАЗИЯ ЛИНИЙ ПОДСОЛНЕЧНИКА ВНИИМК С ПОМОЩЬЮ МОЛЕКУЛЯРНЫХ МАРКЕРОВ

С. З. Гучетль*, Т. А. Челюстникова, А. А. Волошко

Федеральный научный центр «Всероссийский научно-исследовательский институт масличных культур имени В.С. Пустовойта», Краснодар, Россия, *saida.guchetl@mail.ru

STUDYING THE GENETIC DIVERSITY OF VNIIMK SUNFLOWER LINES USING MOLECULAR MARKERS

S. Z. Guchetl*, T. A. Chelyustnikova, A. A. Voloshko

V.S. Pustovoit All-Russian Research Institute of Oil Crops, Krasnodar, Russia,
*saida.guchetl@mail.ru

Подсолнечник является одной из стратегически важных сельскохозяйственных культур для обеспечения продовольственной безопасности нашей страны. Селекция подсолнечника во ВНИИМК осуществляется уже более 100 лет. Актуально создание отечественных высокопродуктивных сортов и гибридов этой культуры, адаптированных к условиям регионов возделывания. Для их создания необходимо использование исходного материала, обладающего значительным генетическим разнообразием. В связи с этим

несколько десятилетий осуществляется паспортизация линий подсолнечника ВНИИМК и оценка их генетического разнообразия с помощью изоферментных и ДНК-маркеров. Отечественными и зарубежными исследователями было изучено наследование порядка 15 изоферментных систем подсолнечника (Гучетль и др., 2004. Kahler et al., 1985). Изученные изоферментные системы имеют несколько зон активности и контролируются генами с 2-3 кодоминантными аллелями. Для паспортизации линий подсолнечника мы отобрали четыре изоферментных маркера: эстераза (EST), малатдегидрогеназа (MDH), глюкозофосфатдегидрогеназа (GPI), 6-фосфоглюконатдегидрогеназа (6-PGD). Они достаточно полиморфны и легки в интерпретации, их разделение происходит в одном гелевом блоке, пробоподготовка проста в исполнении. Это позволяет проводить экономичную экспресс-диагностику изучаемых генотипов. Но в силу своей немногочисленности, они используются нами как дополнительные маркеры и инструмент для предварительного генотипирования. Основным же методом изучения генетического разнообразия является идентификация генотипов с помощью ДНК-маркеров. Для этого предварительно выполнялся подбор эффективных микросателлитных локусов. Нами была создана система из 12 полиморфных SSR-локусов с 2–6 аллельными вариантами. При создании системы для генотипирования учитывалось распределение маркерных локусов по геному. В общей сложности по приведенным выше маркерам было изучено около 200 образцов подсолнечника коллекции ВНИИМК. В их числе селекционные линии и линии-доноры хозяйственно ценных признаков. Несмотря на то, что используемые маркеры, как изоферментные, так и микросателлитные, позиционируются как селективно нейтральные, частота встречаемости аллелей была разной. Так, у изоферментных систем с большей частотой обнаруживались такие аллозимные варианты как EST FF, MDH SS, GPI FF и 6-PGD SS. Редко встречался аллозим EST vFvF. У микросателлитных локусов у изученных линий с наибольшей частотой встречались следующие аллели: ORS5-305, ORS1144-143, ORS1287-210, HAR432-210, ORS509-210, HAR514-180, ORS811-160, HAR1327-190, ORS559-280, HAR1796-230, ORS328-220 и ORS620-350. С частотой менее 0,05 встречались аллели ORS1287-160, HAR432-200, ORS509-220, ORS811-150, ORS328-200 и ORS328-270. Показатели информативности системы изоферментных маркеров, такие как наблюдаемое число аллелей на полиморфный локус, индекс полиморфного информационного содержания, эффективное число аллелей, вполне ожидаемо, были низкими. А у системы микросателлитных маркеров они были средними, соответствующими полученному другими авторами для генотипов подсолнечника (Саналатий и др., 2006). Данные молекулярно-генетических паспортов по микросателлитным локусам были подвергнуты кластерному анализу. Все линии были группированы в несколько кластеров, с объединением близкородственных линий в один кластер или субкластер. Линии подсолнечника, генетически отдаленные, рекомендуются нами как родительские для гетерозисной селекции. Полученные данные могут быть применимы для сохранения и использования генетических ресурсов, а также мониторинга изменений аллелофонда генома подсолнечника, выращиваемого в Краснодарском крае.

Список литературы

1. Гучетль С.З., Челюстикова Т.А., Рамазанова С.А., Антонова Т.С. Молекулярно-генетическая характеристика инбредных линий подсолнечника по изоферментным маркерам и ДНК-профилям // Научно-технический бюллетень Всесоюзного научно-исследовательского института масличных культур. 2004. № 2 (131). С. 42–46.
2. Саналатий А.В., Солоденко А.Е., Сиволап Ю.М. Идентификация генотипов подсолнечника украинской селекции при помощи SSRP-анализа // Цитология и генетика. 2006. Т. 40, № 4. С. 37–43.
3. Kahler A.L., Lay C.L. Genetics of electrophoretic variants in the annual sunflower // Journal of Heredity. 1985. Vol. 76. P. 335–340.

ИСПОЛЬЗОВАНИЕ SSR-МАРКЕРОВ ДЛЯ ГЕНЕТИЧЕСКОЙ ПАСПОРТИЗАЦИИ ОТЕЧЕСТВЕННЫХ СОРТОВ СМОРОДИНЫ КРАСНОЙ (*RIBES RUBRUM* L.)

М. А. Должикова*, А. А. Павленко

Всероссийский научно-исследовательский институт селекции плодовых культур, Орел, Россия, *dolzhikova@vniispk.ru

THE USE OF SSR MARKERS FOR GENETIC CERTIFICATION OF DOMESTIC RED CURRANT CULTIVARS (*RIBES RUBRUM* L.)

М. А. Dolzhikova*, А. А. Pavlenko

Russian Research Institute of Fruit Crop Breeding, Orel, Russia, *dolzhikova@vniispk.ru

Род смородины *Ribes* L. включает в себя более 150 кустарниковых видов, произрастающих главным образом в умеренной зоне северного полушария. Коллекция красной смородины Всероссийского научно-исследовательского института селекции плодовых культур включает более 80 сортов отечественной и зарубежной селекции. Создано и передано на государственное испытание 19 сортов красной смородины, из которых 8 сортов внесены в Госреестр селекционных достижений, допущенных к использованию (Голяева, 2020).

Изучение генетического разнообразия сортов смородины красной с последующей идентификацией является важной частью селекционной работы. Применение SSR-маркеров – один из эффективных способов для анализа генетического полиморфизма и повышения качества селекции. Ранее в наших исследованиях было проанализировано 73 сорта смородины красной по полиморфизму микросателлитных локусов, что послужило основой для разработки и составления генетических паспортов изучаемых сортов.

Цель исследования – составить генетические паспорта группы отечественных сортов смородины красной на основании полиморфизма микросателлитных локусов.

ДНК выделяли из молодых листьев СТАВ-методом (Doyle & Doyle). Полимеразно-цепную реакцию проводили в реакционной смеси объемом 20 мкл, содержащей 1хПЦР буферный раствор, 200 мкМ нуклеотидов по 2 мкМ прямого и обратного праймера, 0,3 ед. Taq ДНК-полимеразы и 10 нг ДНК. Реакция амплификации: предварительная денатурация – 5 мин при 95°C; денатурация – 30 с при 95°C; отжиг праймера (табл. 1) – 30 с; синтез ДНК – 30 с при 72°C (30 циклов); элонгация – 10 мин при 72°C. Фрагменты разделяли на приборе ABI prism Genetic Analyzer 3010.

В данных исследованиях проанализированы 26 сортов смородины красной отечественной селекции: ‘Алмазная’, ‘Алтайская рубиновая’, ‘Альфа’, ‘Белая Потапенко’, ‘Константиновская’, ‘Коралл’, ‘Красная Андрейченко’, ‘Кремовая’, ‘Мечта’, ‘Надежда’, ‘Новая красная’, ‘Натали’, ‘Памятная’, ‘Память Губенко’, ‘Ранняя сладкая’, ‘Рачновская’, ‘Рубин’, ‘Сахарная’, ‘Скороспелая’, ‘Татьянина’, ‘Уральская красная’, ‘Уральские зори’, ‘Уральский сувенир’, ‘Щедрая’, ‘Челябинская красная’, ‘Циральт’.

Генотипы изучаемых сортов проанализированы по 12 микросателлитным локусам (см. табл. 1). Выбранный набор маркеров позволил идентифицировать изучаемые сорта.

Таблица 1. Исследуемые микросателлитные локусы

Локус	e1-O01	Cra-489	Cra-531	e3-B02	g2-L17	g2-G12	g2-H21	e1-O21	gr2-J05	g1-A01	g2-J08	g1-L12
° t	54	50	52	52	50	54	50	50	52	52	54	52

В большинстве случаев на ДНК каждого сортообразца в конкретном локусе амплифицировалось не более двух фрагментов, но в некоторых локусах и три. Для всех проанализированных сортообразцов получены микросателлитные профили, однако только 10 сортов обладают редкими и уникальными сочетаниями аллелей. Для данных сортов были составлены генетические паспорта на основании полиморфизма исследуемых микросателлитных локусов (табл. 2).

Таблица 2. Генетические паспорта изучаемых сортов

Локус Сорт	e1-O01	Crα-489	Crα-531	e3-B02	g2-L17	g2-G12	g2-H21	e1-O21	g2-J05	g1-A01	g2-J08	g1-L12
Альфа	136	233/237	165/177	165	137	185/191	251/254	302/309	179/187	207/222	149/185	214/228
Константиновская	136	236/241	168/171	165/168/171	135	179/191	253	302	179/187	222	177	228
Коралл	132/138	233	168/174	162/165	135/137	179/189	251/253	302/309	179	211	141/165	214/228
Мечта	136/138	237/241	162/165	162/165	135	179/183	251	302/308	179/187	–	179/185	222/226
Надежда	137/139	237/241	165/171	162/165/ 170	135	179/183	251	302/308	179/187	216/220	168/179/185	222/226
Натали	136/138	237	162/165	162/165	125	179/185	251/254	308/309	187	220/222	168	226/228
Память Губенко	132/138	237/241	162/174	165	125/135	179/185	251/254	308	179/187	218/220	185	226
Ранняя сладкая	137	236	168/171	162/165	–	179/191	251/253	302	179/187	207/222	168/177	213/229
Рачновская	136	236/241	168/171	165	135	179/191	253	302	179/187	222	177	228
Сахарная	136	236	165/168	162/170	128/137	179/191	251/253	302/309	187	207/218	169/176	214/224

* – выделены уникальные аллели и сочетания аллелей в пределах проанализированной выборки

Таким образом, в результате проведенных исследований для 14 сортов смородины красной по 12 микросателлитным локусам разработаны идентификационные формулы генотипов – генетические паспорта.

Список литературы

1. Голяева О.Д., Панфилова О.В. Основные итоги селекции красной смородины во ВНИИСПК // Селекция и сорторазведение садовых культур. 2020. Т. 7, № 1-2. С. 49–51. DOI: 10.24411/2500-0454-2020-11212
2. Doyle J.J. Isolation of plant DNA from fresh tissue // Focus. 1990. Vol. 12. С. 13–15.

**IN VITRO КОЛЛЕКЦИЯ ВИР ОБРАЗЦОВ ЯГОДНЫХ И ПЛОДОВЫХ
КУЛЬТУР УМЕРЕННОГО КЛИМАТА**

**С. Е. Дунаева*, О. С. Ефремова, А. М. Камнев, О. А. Тихонова, С. Ю. Орлова,
Л. Г. Семенова, Т. А. Гавриленко**

Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических
ресурсов растений им. Н.И. Вавилова, Санкт-Петербург, Россия, *dunaevase@mail.ru

**IN VITRO COLLECTION OF TEMPERATE BERRY AND FRUIT CROPS
ACCESSIONS AT VIR**

**S. E. Dunaeva*, O. S. Efremova, A. M. Kamnev, O. A. Tikhonova, S. Yu. Orlova,
L. G. Semenova, T. A. Gavrilenko**

N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources, St. Petersburg, Russia,
*dunaevase@mail.ru

In vitro коллекция образцов ягодных и плодовых культур ВИР включает представителей трех семейств, 7 родов (*Rubus* L., *Cerasus* Mill., *Prunus* L., *Fragaria* L., *Sorbus* L., *Ribes* L., *Lonicera* L.). Основную часть коллекции составляют образцы культурных видов – представителей 9 культур: малина, ежевика, вишня, черешня, слива, земляника, рябина, черная смородина, жимолость (таблица).

**Таблица. Структура и численность *in vitro* коллекции ВИР ягодных
и плодовых культур умеренного климата**

Семейство	Род	Культура	Число образцов	В том числе		
				сортов	гибридов	дикорастущих образцов (видов)
Rosaceae	<i>Rubus</i> L.	Малина	105	85	0	20 (4)
		Ежевика	47	24	0	23 (18)
	<i>Cerasus</i> Mill. <i>Prunus</i> L.	Вишня, черешня; слива	47	47	0	0
	<i>Fragaria</i> L.	Земляника	32	28	0	4 (1)
	<i>Sorbus</i> L.	Рябина	11	7	0	4 (4)
Grossulariaceae	<i>Ribes</i> L.	Смородина черная	62	43	10	8 (3)
Caprifoliaceae	<i>Lonicera</i> L.	Жимолость	41	18	0	23
Итого	7	9	345	252(73%)	10	82 (30)

In vitro коллекция ягодных и плодовых культур ВИР служит для сохранения дублетов наиболее ценных образцов полевого генбанка ВИР – сортов отечественной селекции, с приоритетом староместных сортов, источников и доноров хозяйственно ценных признаков, а также клонов сортов, генетически идентичных зарегистрированным в

качестве номенклатурных стандартов в Гербарии ВИР (WIR). *In vitro* коллекция является основой для криоконсервации апексов образцов с последующей их закладкой в криобанк, используется в протоколах по оздоровлению материала от вирусной инфекции и для реинтродукции утерянных в полевом генбанке образцов. В *in vitro* культуру из полевой коллекции введены клоны, изученные по комплексу хозяйственно ценных признаков, у некоторых культур (жимолость, малина) генотипированные с использованием SSR- и ISSR-маркеров (Lefevre et al., 2011) и дополнительно изученные на наличие макро- и микроэлементов, профиль сахаров и полифенолов (Lamougeux et al., 2011). В коллекции *in vitro* образцы периодически тестируются на выявление внутренних бактериальных инфекций с применением твердой бактериальной среды (Дунаева, Оследкин, 2015), из 152 образцов рода *Rubus* 42 образца малины и ежевики охарактеризованы по индивидуальным изоинзимным спектрам эстеразы (Дунаева и др., 2005), 41 сорт малины тестирован на наличие вируса RBDV методом ИФА (Антонова и др., 2015). Все этапы работы с коллекцией *in vitro* проводятся в соответствии с Методическими указаниями ВИР (Dunaeva et al., 2017). Разработанные протоколы обеспечивают поддержание и сохранение в коллекции *in vitro* широкого эколого-географического и генетического разнообразия образцов (Дунаева и др., 2018). Коллекция из 345 образцов (~3000 микрорастений), которая служит для микрклонального размножения, сохраняется при температуре 23–25°C, фотопериоде 16 часов и освещенности ~3-4 клк. На среднесрочном хранении при замедленном росте пробирочных растений в условиях пониженной температуры +4°C, фотопериоде 8 часов и освещенности ~500 лк. находится 79 образцов (~400 микрорастений). В этих условиях высокую жизнеспособность в течение одного-двух лет без пересадки сохраняют все 47 образцов ежевики и в течение 8–12 месяцев все 32 образца земляники из коллекции *in vitro*. Важным этапом работы с *in vitro* коллекцией является перевод пробирочных растений в условия *ex vitro* и передача в полевую коллекцию образцов для верификации, изучения и реинтродукции. Из *in vitro* коллекции выведено *ex vitro* и передано в структурные подразделения ВИР 106 образцов, 217 растений малины, ежевики, вишни и смородины черной.

Список литературы

1. Антонова О.Ю., Дунаева С.Е., Ухатова Ю.В., Камылина Н.Ю., Долганова Н.А., Лисицына О.В., Гавриленко Т.А. Оздоровление малины от вируса кустистой карликовости (RBDV) методом комплексной терапии в культуре *in vitro* // Достижения науки и техники АПК. 2015. Т. 29, № 7. С. 61–64.
2. Дунаева С.Е., Кудрякова Н.В., Малышев Л.Л., Лупышева Ю.В., Гавриленко Т.А. *In vitro* коллекция малин и ежевик и идентификация образцов по изоферментным спектрам. Аграрная Россия. 2005. № 2. С. 49–55. DOI: 10.30906/1999-5636-2005-2-49-55
3. Дунаева С.Е., Орлова С.Ю., Тихонова О.А., Гавриленко Т.А. Образцы ягодных и плодовых культур и их дикорастущих родичей в коллекции *in vitro* ВИР // Биотехнология и селекция растений. 2018. Т. 1, № 1. С. 43–51. DOI: 10.30901/2658-6266-2018-1-43-51
4. Дунаева С.Е., Оследкин Ю.С. Бактериальные микроорганизмы, ассоциированные с тканями растений в культуре *in vitro*: идентификация и возможная роль // Сельскохозяйственная биология. 2015. Т. 50, № 1. С. 3–15. DOI: 10.15389/agrobiology.2015.1.3rus
5. Дунаева С.Е., Пендинен Г.И., Антонова О.Ю., Швачко Н.А., Ухатова Ю.В., Шувалова Л.Е., Волкова Н.Н., Гавриленко Т.А. Сохранение вегетативно размножаемых культур в *in vitro* и крио коллекциях: методические указания / под редакцией Т.А. Гавриленко. Санкт-Петербург : ВИР, 2017. 71 с.
6. Lamoureux D. Sorokin A. Lefevre I., Alexanian S., Eyzaguirre P., Hausman J.-F. Investigation of genetic diversity in Russian collections of raspberry and blue honeysuckle // Plant Genet Resources. 2011. Vol. 9. P. 202–205. DOI: 10.1017/S1479262111000323

7. Lefevre I., Hebei J. Guignard C., Sorokin A., Tikhonova O., Dolganova N., Hoffmann L., Eyzaguirre P., Hausman J-F. Evaluation and comparison of nutritional quality and bioactive compounds of berry fruits from *Lonicera caerulea*, *Ribes* L. species and *Rubus idaeus* grown in Russia // Journal of Berry Research. 2011. Vol. 1. P. 159–167. DOI: 10.3233/BR-2011-017

ПРЕБРИДИНГ ГЕНОФОНДА КОСТОЧКОВЫХ ПЛОДОВЫХ КУЛЬТУР В СЕЛЕКЦИИ КЛОНОВЫХ ПОДВОЕВ

В. Г. Еремин, Г. В. Еремин

Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова, Крымская опытно-селекционная станция – филиал ВИР, Крымск, Россия, kross67@mail.ru

PREBREEDING THE GENE POOL OF STONE FRUIT CROPS IN THE BREEDING OF CLONE ROOTSTOCKS

V. G. Eremin, G. V. Eremin

N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources, Krymsk Experiment Breeding Station of VIR, Krymsk, Russia, kross67@mail.ru

На Крымской OCC – филиале ВИР проводится работа по селекции клоновых подвоев для косточковых культур. В ней широко используются виды косточковых растений, сосредоточенные в генофонде рода *Prunus* L., насчитывающем свыше 5000 генотипов. Изучение этого генофонда позволило выделить доноры ряда селекционно значимых признаков – слаборослости, легкого размножения черенками, устойчивости к ряду биотических и абиотических стрессоров. При их селекционном использовании оказалось необходимым уточнить систематику видов рода *Prunus*. При этом использовались методы геномного, цитологического и биохимического анализов (Абдушукурова, 1965; Авдеев и др., 1992; Арклис и др., 2005; Еремин, 2010; Половянов, 1981).

Это позволило при гибридизации видов правильно подбирать комбинации скрещиваний. В системе рода *Prunus* уточнены места видов *P. maackii*, *P. ulmifolia*, *P. pumila*, а также секций *Armeniaca*, *Louiseania* и *Microcerasus*. Последние переведены в самостоятельные подсекции в секции *Prunophora*, с другими видами указанных подсекций они легко скрещиваются, давая частично плодовитое потомство. Гибриды их с видами подрода *Amygdalus*, и с видами подродов *Cerasus*, *Padus* и *Laurocerasus* пока неизвестны. Вид *P. maackii* предложено перевести из секции *Padus* в секцию *Cerasus*, поскольку с видами этой секции он дает плодовитое потомство, а с видами *Padus* не скрещивается. Предлагается также укрупнить секцию *Chamaeamygdalus*, подрода *Amygdalus*, включив в нее виды *P. scoparia*, *P. spinosissima*, *P. tenella* и *P. petunnikowii*.

На основе материалов по изучению внутривидового полиморфизма таких видов, как *P. cerasus*, *P. spinosa*, *P. incana*, *P. prostrata* предложены изменения в их внутривидовой классификации (Еремин, 2021).

Изучение видового разнообразия в роде *Prunus* позволило выявить гибридогенное происхождение ряда видов, в частности *P. spinosa* (*P. cerasifera* × *P. microcarpa*), *P. frutocosa* (*P. canescens* × *P. mahaleb*), *P. prostrata* (*P. incana* × *P. microcarpa*), *P. brigantiaca* (*P. cerasifera* × *P. subcordata*).

Межвидовая гибридизация является одним из важных факторов видообразования в роде *Prunus* L., особое внимание уделялось проявлению генетической несовместимости

при скрещивании разных видов, в зависимости от их генетической близости. Предложено рассматривать четыре уровня генетической несовместимости.

1. В F₁ часть гибридов нормально плодovита, но всегда отмечается некоторое снижение фертильности пыльцы.

2. В F₁ наблюдается пониженная женская и мужская фертильность.

3. В F₁ проявляется женская стерильность, но пыльца частично фертильная.

4. В F₁ наблюдается бесплодие гибридов.

Первый уровень, как правило, наблюдается при гибридизации видов одной подсекции. Второй уровень у F₁, при скрещивании видов одной секции, третий уровень – при гибридизации видов в пределах подрода. Четвертый уровень – при скрещивании видов из разных подродов, за исключением видов подродов *Prunophora* и *Amygdalus*.

В связи с необходимостью гибридизации видов с различной ploидностью была проведена работа по выделению в популяциях диплоидных видов тетраплоидных мутантов, а также форм способных продуцировать нередуцированные гаметы. Такие формы были получены рядом исследователей (Каталог мировой..., 1997). Выделены они были и нами у таких видов, как алыча, терн, вишня серая, черешня, абрикос, персик. Это позволило получить при скрещивании плодovитые гибриды на тетраплоидном уровне за счет нередуцированных гамет у полиплоидов и нормальных гамет тетраплоидов (Байашвили, 1986). Получены также гибриды терна с сортами сливы 'Тока' и 'Лакресцент', а также с абрикосом черным.

Нами синтезирована с помощью колхицина тетраплоиды у алычи, абрикоса, сливы китайской и китайско-американской, а также гексаплоиды у триплоидных гибридов терн × алыча и терн × слива китайская. Некоторые из них представляют ценность как клоновые подвои, а также как элитные сеянцы в селекции сливы домашней.

Интерес представляют аллогексаплоиды, полученные от триплоидов терн × слива китайская, а также от скрещивания между собой индуцированных тетраплоидов – (алыча × персик), 4x × (терн × алыча, 4x), 4x. Последний характеризуется плодovитостью, а также отличным укоренением побегов и изучается как клоновый подвой.

Отдаленные гибриды косточковых культур, в частности полиплоиды, представляют собой ценный материал в селекции сортов клоновых подвоев косточковых культур.

Работа выполнена на коллекции генетических ресурсов растений ВИР в рамках государственного задания по тематическому плану ВИР по проекту 0481-2022-0004.

Список литературы

1. Абдушукурова Р.А. Сравнительное кариологическое изучение подсемейства *Prunoideae* Focke, *Persica* Mill., *Armeniaca* Mill., *Cerasus* Juss. // Доклады АН Таджикской ССР. 1965. Т. 8, вып. 12. С. 44–48.

2. Авдеев В.И., Егги Э.Э., Жадько М.Г. Сравнительный анализ белков семян представителей подсемейства *Prunoideae* Focke сем. *Rosaceae* методом электрофореза // Растительные ресурсы. 1992. Т. 28, № 2. С. 83–89.

3. Арклис О.В., Высоцкий В.А., Цветков И.Л. Идентификация косточковых культур с помощью молекулярных маркеров // Биотехнология: состояние и перспективы развития : материалы III междунар. конгресса (Москва, 14-18 марта 2005 г.). Москва, 2005. 4.1. С. 223.

4. Байашвили Е.И. Естественная полиплоидия у представителей рода *Prunus* Mill. // Интродукция, отдаленная гибридизация растений, озеленение. Кишинев, 1986. С. 50–55.

5. Еремин Г.В. Косточковые плодovые культуры. Генофонд и его использование в селекции. Краснодар: Изд-во ООО «Просвещение-Юг», 2021. 558 с.

6. Еремин Г.В. Метод идентификации геномов с использованием морфологических маркеров для изучения генетического потенциала рода *Prunus* L. // Методологическое

и аналитическое обеспечение исследований по садоводству / ГНУ СКЗНИИСиВ Россельхозакадемии. Краснодар, 2010. С. 34–41.

7. Каталог мировой коллекции ВИР. Вып. 689. Интродуцированные полиплоиды косточковых плодовых растений (*Prunus* L., *Armeniaca* L., *Persica* Mill., *Cerasus* Mill., *Microcerasus* Webb emend. Spach) / Г.В. Еремин, Э.Г. Рассветаева, В.В. Ковалева, В.М. Гарковенко. Санкт-Петербург: ВИР, 1997. 38 с.

8. Половянов Г.Г. Характеристика видов и родов косточковых по наличию и содержанию в плодах флавонолов, сахаров и органических кислот // Труды по прикладной ботанике, генетике и селекции. 1981. Т. 70, вып. 1. С. 108–112.

ВЛИЯНИЕ ПОДВОЙНЫХ ФОРМ РАЗЛИЧНОГО ЭКОЛОГО-ГЕОГРАФИЧЕСКОГО ПРОИСХОЖДЕНИЯ НА КАЧЕСТВЕННЫЕ ХАРАКТЕРИСТИКИ ДЕРЕВЬЕВ ЧЕРЕШНИ СОРТА АЛЕКСАНДРИЯ

О. В. Еремина¹, В. И. Сивоплясов², В. Г. Еремин¹

¹Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова, Крымская опытно-селекционная станция – филиал ВИР, Крымск, Россия, kross67@mail.ru

²ООО «Агрофирма «Красный сад», Батайск, Россия, baters23@mail.ru

INFLUENCE OF ROOTSTOCK FORMS OF DIFFERENT ECOLOGICAL AND GEOGRAPHICAL ORIGIN ON THE QUALITATIVE CHARACTERISTICS OF ALEXANDRIA CHERRY TREES

O. V. Eremina¹, V. I. Sivopliasov², V. G. Eremin¹

¹N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources, Krymsk Experiment Breeding Station of VIR, Krymsk, Russia, kross67@mail.ru

²LLC Agrofirma krasny Sad, Bataysk, Russia, baters23@mail.ru

При формировании генофонда косточковых культур на Крымской ОСС – филиале ВИР использовался принцип привлечения генотипов, приспособленных к условиям среды обитания различных местностей, которые отличались наибольшим полиморфизмом (Еремин, 2021). Созданная на станции коллекция вида *P. mahaleb* L., включающая в себя 280 генотипов различного эколого-географического происхождения, изучаемая долгие годы, используется в селекции в качестве источника для создания адаптивных, засухоустойчивых, клоновых подвоев для черешни и вишни (Хлесткина, 2020).

По результатам экспериментальной работы по изучению укореняемости коллекционных образцов *P. mahaleb* одревесневшими черенками, выделены легко укореняемые (свыше 80%) формы. На сегодняшний момент эти формы проходят испытание в качестве подвоев для культур черешни, вишни обыкновенной и дюков.

Выделенные в испытании формы отобраны из образцов, полученных в ходе экспедиций в различные эколого-географические местности. Образцы из юга Ростовской области и Краснодарского края: Каменск 16 (к-45299), Каменск 18 (к-45301), А 1/148/9-10 (к-39845), Ант 2/7 (к-40258), Ант 213 (к-39846), Ант × Мааки 9-8 (к-45309), Ант × в.ст. 2-77-7 (к-45316); Поволжья – Ант С-36 (к-40007), С-18 (к-39992), А 1-134 А-30 А (к-45573), Самоплодная № 17 (к-45570); Волгоградской области (Борисово, Дубовка): А 14-21-33 (к-40189), А 74-8 (к-39815), Ант б/н № 5 (к-39857), Ант б/н № 13 (к-39858), Ант б/н № 16 (к-39990), Ант 1174 (к-39856), Ант 1220 (к-40265), Ант 74-8 (к-39815), А-30 (к-45294), С-85 (к-40039), Ант С-33 (к-40004), Ант С-3 (к-39979); Республики Крым: Чуфут-Кале (к-40047),

Mahaleb 12p 148д (к-45574); Армении: Джермук 30 (к-39873), Гегард (к-45295). Стандартами являлись подвой Крымской ОСС – ВСЛ 2, РВЛ 9, Рулан 8.

По окончании периода глубокого покоя у деревьев черешни сорта 'Александрия', привитых на опытные формы, установлено влияние подвоев на прохождение этой фазы. Наиболее продолжительный покой был у деревьев, привитых на формы, интродуцированные из южных регионов Ростовской области и созданные в условиях Крымской ОСС, по среднемноголетним данным заканчивался 15–25 февраля. В эти же сроки выходили из покоя деревья на подвойных формах Чуфут-Кале и Джермук.

Собранные в Поволжье генотипы способствуют раннему выходу деревьев черешни из периода покоя, по среднемноголетним данным к 1–20 января.

Образцы, собранные в экспедиции по Волгоградской области, по продолжительности покоя имеют промежуточные значения, за годы испытания деревья выходили из него 1–15 февраля.

Различное происхождение подвойных форм Антипки влияло на сроки начала и прохождения фазы цветения и начала созревания у деревьев черешни. В годы с холодной погодой в период цветения отмечено различие начала фазы цветения от 7 до 14 дней. Даже при оптимальных погодных условиях этот период был растянут до 5–7 дней. При этом рано выходящие из покоя формы Ант С-36, С-18, А 1-134 А-30 А, Самоплодная № 17 способствовали более позднему началу цветения. Кроме того, у этих деревьев отмечена высокая адаптивность к низким температурам весеннего периода.

Более раннему цветению привитого на них сорта черешни способствовали образцы, собранные в условиях произрастания Волгоградской области.

Обильные осадки в период созревания 2021 года позволили оценить влияние различных подвойных форм на растрескиваемость плодов сорта 'Александрия'. Устойчивость к этому признаку (лопнувших плодов 0–20%) проявили деревья черешни сорта 'Александрия', привитые на формы Каменск 16 и Каменск 18, отобранные в Ростовской области, 2 формы, созданные на Крымской ОСС, – Рулан 8, испытываемый в качестве стандарта, и Ант × в. ст. 2-77-2 и 5 образцов из Волгоградской области Ант б/н № 5, Ант б/н № 13, Ант 74-8, А-30, С-85. На подвое ВСЛ 2 растрескивание плодов черешни было более 85%. Свыше 50% – РВЛ 9 (стандарт как сильнорослый подвой в опыте), Гегард, Ант С-3, А 1/148/9-10, Ант × Мааки 9-8, Джермук 30, Ант 213 и Ант С-33.

Изучено влияние подвоев на массу, плотность и содержание общих сахаров в плодах черешни сорта 'Александрия', привитой на них.

Учет урожая проводили с 18 по 25 июня, так как отмеченная разница по срокам созревания сорта черешни 'Александрия' между сорто-подвойными комбинациями достигала 7 суток. Урожай с дерева составил от 25 до 35 кг. Влияние разных подвойных форм на изменение средней массы плода было незначительное, в пределах 1 грамма, но имелись различия по плотности и количеству накопленного сахара в них. Максимальный средний вес плода (11,9 г) имели деревья на подвоях Ант × Мааки 9-8, А 14-21-33, С-85 и Каменск 16. Минимальный отмечен у деревьев на Ант С-36 – 9,2 г и Ант б/н № 16 – 9,8 г. Подвойная форма А 74-8 способствовала неравномерному созреванию плодов.

Установлено влияние изученных подвоев на накопление общих сахаров в плодах черешни. Их количество варьировало от 15 до 24% в зависимости от комбинации. При этом высокие показатели сахара имели деревья на формах вне зависимости от их эколого-географического происхождения.

Отмечено, что сорт 'Александрия' на разных подвоях по-разному проявляет устойчивость к поражению коккомикозом. На 1 сентября 2021 года после погодных условий, способствовавших сильному развитию болезни, выявлено, что деревья на подвоях Чуфут-Кале, Каменск 16, А 74-8, Ант × в.ст. 2-77-2, Каменск 18, Рулан 8, Ант 1220 и Гегард проявляют устойчивость к коккомикозу: поражение этих деревьев составило 1 балл. В то же время подвойные формы из Волгоградской области – Ант С-3, Ант С-36, А 14-21-33,

Ант б/н № 13, Ант б/н № 5 и С-85 способствовали поражению деревьев на 5 баллов, 10 сентября указанные деревья имели 90% опавших листьев.

Таким образом, в результате проделанной работы выделены подвойные формы Каменск 16, Каменск 18, Чуфут-Кале, Джермук 30, Рулан 8, Ант × Мааки 9-8 – как источники продолжительного покоя; формы – Каменск 16, Каменск 18, Рулан 8, Ант б/н № 13, Ант б/н № 5, А 74-8, Ант × в.ст. 2-77-2 и С-85 как источники для создания подвоев, дающие устойчивость к растрескиванию плодов привитых на них сортов; формы – Каменск 16, Каменск 18, Чуфут-Кале, Рулан 8, А 74-8, Ант × в.ст. 2-77-2, Ант 1220 и Гегард – источники устойчивости к коккомикозу.

Работа выполнена на коллекции генетических ресурсов растений ВИР в рамках государственного задания по тематическому плану ВИР по проекту 0481-2022-0004.

Список литературы

1. Еремин Г.В. Косточковые плодовые культуры. Генофонд и его использование в селекции. Краснодар: Изд-во «Просвещение – Юг», 2021. 558 с.

2. Хлесткина Е.К. Мировой генофонд коллекции ВИР для продовольственной безопасности страны = VIR collection for food security in the Russian Federation // Материалы I Всероссийской научно-практической конференции с международным участием «Геномика и современные биотехнологии в размножении, селекции и сохранении растений» ФГБУН «НБС-ННЦ», г. Ялта, Республика Крым, Россия. 27–31 октября 2020 г. Симферополь: ИТ «АРИАЛ», 2020. С. 17–18. DOI: 10.47882/GENBIO.2020.39.74.003

РЕЗУЛЬТАТЫ ИЗУЧЕНИЯ УСТОЙЧИВОСТИ ЖИМОЛОСТИ К ТЛЯМ НА СЕВЕРО-ЗАПАДЕ РОССИИ

Л. В. Ермолаева, Н. Г. Тихонова

Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова г. Санкт-Петербург, Россия,
ermolaeva.larisavir@yandex.ru, n.g.tikhonova@vir.nw.ru

RESULTS OF THE STUDY OF HONEYSUCKLE RESISTANCE TO APHIDS IN THE NORTHWEST OF RUSSIA

L. V. Ermolaeva, N. G. Tikhonova

N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources,
St. Petersburg, Russia, ermolaeva.larisavir@yandex.ru, n.g.tikhonova@vir.nw.ru

Интерес к жимолости в последние годы значительно вырос, т. к. она не только богата различными витаминами, но и сверххранящая культура. К сожалению, весьма существенный экономический ущерб жимолости причиняют тли. Они повреждают листья и побеги, а кроме того, переносят вирусные болезни. Использование пестицидов для защиты плодово-ягодных растений от вредителей крайне нежелательно, поэтому весьма актуально создание и возделывание устойчивых сортов.

В Северо-Западном регионе России жимолость повреждает 7 видов тлей, но основной вред причиняют 4 вида: жимолостно-еловая (*Rhociphilus xylostei* De Geer.), жимолостно-злаковая (*Rhopalomuzus lonicera* Sieb.), *Hyadaphis foeniculi* Pass., жимолостно-верхушечная (*Semiaphis tataricae* Aiz.). Среди них есть как мигрирующие, так и немигрирующие виды.

Целью исследований явилась разработка методов оценки устойчивости жимолости к тлям, позволяющим учитывать видовое разнообразие и специфику биологии развития каждого вида вредителя, а также поиск источников устойчивости, необходимых для селекции новых сортов.

Коллекция жимолости насчитывает 245 образцов отечественной и зарубежной селекции, выращиваемых на научно-производственной базе (НПБ) «Пушкинские и Павловские лаборатории ВИР». Для выявления источников устойчивости жимолости к тлям с 2008 по 2021 годы проводили скрининг коллекции. Всего обследовано 160 образцов. В годы массового размножения тлей достаточно надежные результаты получены уже при полевой оценке, в дальнейшем выделившиеся образцы изучали на инвазионном участке.

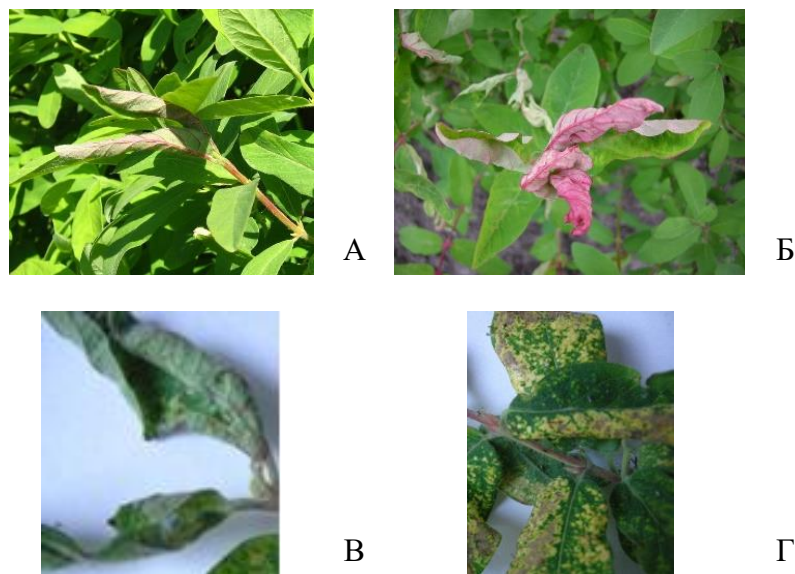


Рисунок. Повреждения жимолости тлями: А – жимолостно-еловой, Б – *Hyadaphis foeniculi* Pass., В – жимолостно-верхушечной, Г – жимолостно-злаковой

При оценке устойчивости растений к тлям (рисунок): жимолостно-еловой (А), *H. foeniculi* (Б) и жимолостно-верхушечной (В) использовали шкалу: 0 – растения не заселены тлей; 1 – небольшие колонии тли на листьях (3–5 особей); 2 – листья деформированы, колонии среднего размера (10–15 особей); 3 – листья сильно деформированы, черешки искривлены; 4 – поврежденные побеги останавливаются в росте, нередко образуются дополнительные ветви. Для жимолостно-злаковой тли (Г) разработали другую шкалу: 0 – растения не заселены тлей (желтые пятна отсутствуют); 1 – пятна отмечаются менее чем на 5% листовой поверхности; 2 – менее чем на 20% листовой поверхности; 3 – менее чем на 50% листовой поверхности; 4 – более чем на 50% листовой поверхности. В зависимости от степени повреждения образцы разделили на три группы: устойчивые (баллы 0-1), среднеустойчивые (2), неустойчивые (3-4).

Среди выявленных источников устойчивости особо следует отметить сорта: ‘Палласа’ (к-29989, Ленинград); ‘Первенец’ (к-25780, Ленинград); ‘Саянская 327’ (к-25827, Красноярский край); № 118 (к-4564, Камчатка); № 686 (к-12252, Ленинград); ‘Парабельская’ (к-30052, Томская обл.); 1-39-23 (к-30048, происхождение неизвестно). В последние годы выделился еще ряд устойчивых образцов: Старт (к-25793, Россия), Камчатская (к-4644А, Камчатка); № 2-5-33 (к-32257, Томская обл); Бурятская 340 (к-25816); 1221-1; 1040-1; 838-1; 838-4; 974-3; 974-4; 974-11, которые не только устойчивы к тлям, но и характеризуются другими хозяйственно ценными признаками. Эти образцы могут быть источниками устойчивости к тлям при создании новых сортов.

УСТОЙЧИВОСТЬ ГЕНОФОНДА *DAUCUS CAROTA* L. К ВРЕДИТЕЛЯМ И БОЛЕЗНЯМ

Л. В. Ермолаева, Т. В. Хмелинская

Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова г. Санкт-Петербург, Россия,
ermolaeva.larisavir@yandex.ru, t.khmelinskaya@vir.nw.ru

RESISTANCE OF THE GENE POOL OF *DAUCUS CAROTA* L. TO PESTS AND DISEASES

L. V. Ermolaeva, T. V. Khmelinskaya

N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources,
St. Petersburg, Russia, ermolaeva.larisavir@yandex.ru, t.khmelinskaya@vir.nw.ru

Коллекция моркови ВИР располагает большим генетическим разнообразием и включает более трех с половиной тысяч образцов из различных районов мира. В процессе исследования генофонда возможно выявить новые источники ценных хозяйственно-биологических признаков, которые будут служить исходным материалом для селекции перспективных сортов и гибридов моркови.

В Северо-Западном регионе основной ущерб моркови причиняют морковная листоблошка (*Trioza apicalis* Forst.) и морковная муха (*Psililla rosae* F.), а в последние годы возросла вредоносность тлей: бурой грушево-зонтичной тли (*Anuraphis subterranean* Walk) и красногалловой боярышниковой тли (*Dysaphis crataegi* Kalt.).

Наряду с вредителями, существенный урон культуре наносят болезни. В течение вегетации растений и в период хранения значительный ущерб урожаю наносит бурая пятнистость (возбудитель – *Alternaria dauci*). При длительном хранении корнеплодов наиболее вредоносны черная сухая гниль (возбудитель – *Alternaria radicina* M. D. et E., *A. dauci* (Kuehn) G. et S.), белая гниль (*Sclerotinia sclerotiorum* Fuck.), фомоз (*Phoma rostrupii* Sacc.) (рисунок). Серой гнилью (*Botrytis cinerea* Pers.), фузариозом (*Fusarium* spp.) и мокрой бактериальной гнилью (*Ervinia carotovora* (Jon.) Holl. образцы поражались в меньшей степени.



Рисунок. Болезни корнеплодов моркови: А – черная сухая гниль;
В – белая гниль и фомоз; С – белая гниль

Выявлено, что большая часть источников устойчивости относится к сортотипам Шантенэ (43,8%) и Нантская (29,2%), меньшая – Берликумер (17,0%) и Амстердамская (8,3%). Меньше всего устойчивых форм выявлено среди образцов сорто типа Амагер (1,0%). В остальных 2 сорто типах источники устойчивости встречаются только единично.

При оценке устойчивости моркови к морковной листоблошке установлено, что наибольший процент источников устойчивости к вредителю отмечался у образцов, относящихся к сорто типам Шантенэ (30,0%) и Нантская (28,0%). При исследовании устойчивости к морковной мухе максимальное количество устойчивых образцов выявлено в сорто типе Шантенэ (50,0%), значительное – в сорто типе Берликумер (40%), а в сорто типе

Нантская – лишь 10%. Групповая устойчивость к гнилям корнеплодов чаще наблюдалась у образцов сортотипов Шантенэ (43,7%) и Нантская (31,3%). Бурой пятнистостью не поражались 80,0% образцов сортотипа Шантенэ.

За годы исследований нами выделено несколько десятков источников устойчивости к вредителям и болезням. Так, следует отметить иммунные к альтернариозу образцы: Скороспелая (к-2065, Россия), Местная (к-2313, Россия), Nanteise (к-2154, Чехия), Sone (к-2359, Япония), Juwator (к-2440, Германия), Royal Chantenai (к-1320, США), Местная (к-1598, Украина); а также высокоустойчивые сорта: ‘Грибовский’ (к-1312, Россия), ‘Naga’ (к-845, Япония). К белой гнили устойчивы сорта ‘Tip-Top’ (к-2332, Нидерланды), ‘Принцесса’ (вр. к-2553, Россия), ‘De Chantenay a cored rouge’ (вр. к-1916, Франция), Местная (вр.к-1653, Россия), Местная (к-2246, Чили). Высокой устойчивостью к фомозу отличаются сорта ‘Marko’ (к-2485, Нидерланды), ‘Silva’ (к-2698, Нидерланды), ‘Koronda’ (к-2690, Нидерланды), Местная (к-2724, Узбекистан), ‘Лосиноостровская-13’ (к-2017, Россия). При оценке устойчивости к серой гнили выделены 2 иммунных сорта: ‘Марлинка’ (к-2544, Россия) и ‘Chantenay № 618’ (к-2102, Канада) и высоко устойчивые: ‘Деликатесная’ (вр. к-2537, Россия), ‘Витаминная 6’ (к-2072, Россия).

Максимальный интерес представляют образцы с комплексной устойчивостью к вредителям и болезням: Местная (вр. к-1962, Россия), ‘Принцесса’ (вр. к-2553, Россия), ‘Суражевская’ (вр. к-2542, Россия), Местная (к-1084, Таджикистан), Местная (к-1706, Украина), ‘Regol Osená’ (к-2348, Дания), ‘Feonia H.S.64 D’ (к-2406, Дания), ‘Ideal’ (к-2404, Нидерланды), Местная (к-2246, Чили) и др., поврежденность вредителями и пораженность корнеплодов болезнями, у которых не превышала 1 балла. Образцы Juwarot (к-2440, Германия), Amtou (к-2616, Германия), Flakku (к-2776, Нидерланды), Minicor (к-2779, Чехия), Eagle (к-2914, Канада), Tokitas scarlet (к-2922, Япония) отличались наибольшей устойчивостью к морковной листоблошке, тлям и бурой пятнистости.

Выявленные источники устойчивости к морковным листоблошке и мухе, тлям и болезням корнеплодов могут быть использованы в селекционной работе при создании новых перспективных сортов.

БИОАКТИВНЫЕ КОМПОНЕНТЫ СИБИРСКИХ ПЛОДОВ И ЯГОД

И. В. Ершова

Федеральный Алтайский научный центр агробιοтехнологий, Барнаул, Россия,
inessers@yandex.ru

BIOLLOGICALLY ACTIVE COMPONENTS OF SIBERIAN FRUITS AND BERRIES

I. V. Ershova

Federal Altai Scientific Centre of Agro-Biotechnologies, Barnaul, Russia, inessers@yandex.ru

Развитие отечественного садоводства на современном этапе относится к приоритетам государственной аграрной политики, в рамках которой предусматривается постоянное селекционное обновление на основе ускоренного выделения сортов и клонов с комплексом адаптивно значимых признаков, максимально реализующих свой продукционный потенциал. Наряду с главными показателями в селекции – урожайностью, зимостойкостью, иммунитетом, в настоящее время значительно возросли требования к новым сортам в аспекте повышения биологической, витаминной ценности плодов и ягод. Фрукты и ягоды являются богатейшими природными источниками таких биологически активных веществ (БАВ) как витамины, ферменты, каротиноиды, фенольные соединения,

минеральные вещества и др. Многие из них обладают широким спектром биологической активности и лечебно-профилактического действия, и, что очень важно, являются естественными антиоксидантами. Биохимическое изучение генофонда плодовых и ягодных культур НИИ садоводства Сибири (НИИСС) способствует раскрытию их потенциала в отношении аккумуляции БАВ в условиях юга Западной Сибири, выделению источников их повышенного содержания для дальнейшей целенаправленной селекции и технологического использования, формированию ценного для региона ассортимента садовых пород, улучшению структуры питания и оздоровлению населения.

Изучение обширных сортового и гибридного фондов плодовых и ягодных культур НИИСС свидетельствует о специфичности их в отношении уровня накопления БАВ. Лидерство по содержанию витамина С в плодах принадлежит облепихе и смородине черной. Диапазон варьирования данного показателя у этих культур очень значителен. Для облепихи он составляет 36–332 мг/100 г при среднем значении 122 мг/100 г. Высокая С-витаминность плодов, и максимальная среди сортов, была установлена у сорта Любимая Киви – 332 мг/100 г. От 150 до 200 мг/100 г могут накапливать в своих плодах сорта ‘Алтайская’, ‘Огниво’, ‘Елизавета’, ‘Чечек’. Весьма ценными в этом отношении представляются гибридные формы с содержанием витамина С от 200 до 300 мг/100 г (236-03-1, 12-06-1, 177-00-1, 202-05-1, 338-06-1, 664-00-1, 92-06-1, 95-95-1, 374-13-1 и др.). В ягодах смородины черной содержание витамина С варьирует от 50 до 283 мг/100 г, составляя в среднем 112 мг/100 г. Результатом успешной в этом направлении селекции является гибрид 1-07-1 – 283 мг/100 г. Высоким уровнем накопления витамина С в плодах, 200 мг/100 г и более, отличаются сорта ‘Экзотика’, ‘Лентяй’, ‘Садко’, форма 72-98-1. Значимое содержание витамина в ягодах (160–180 мг/100 г) установлено у сортов ‘Баритон’, ‘Голубка’, ‘Дачница’, ‘Лама’, ‘Любимица Бакчара’, гибридов 1-06-2, 13-98-1, 27/27/144 и др. В эффективных количествах витамин С синтезируется в ягодах земляники (48–106 мг/100 г) и смородины золотистой (31–92 мг/100 г). Наиболее продуктивными в отношении синтеза витамина С являются: земляника – сорта ‘Фруктовая’, ‘Альтаир’, ‘Эльвира’, ‘Акварель’, ‘Гренада’, ‘Забелинская’, ‘Анастасия’, гибриды 8-01-3, 2-08-1, Р-Л-08-23, Р-Л-09-11, 5-90-21 и др.; смородина золотистая – ‘Подарок Ариадне’, ‘Барнаульская’, ‘Ида’, ‘Дар Алтая’, ‘Отрада’, формы 4268-07-1, 4190-06-13, 4270-04-1 и др.

Одной из самых значимых групп БАВ являются биологически активные фенольные соединения (ФС) или биофлавоноиды. Наиболее богаты ими ягоды жимолости, вишни и калины. Приоритет остается за жимолостью. Среднее содержание ФС в ягодах сортов и гибридов культуры составляет 1300 мг/100 г с установленным максимальным их количеством 2268 мг/100 г у гибрида 36-23-07. Помимо последнего наибольшими возможностями в этом плане характеризуются сорта ‘Берель’, ‘Юмис’, ‘Калипсо’, форма 2-36-08 (1600–1800 мг/100 г). Общее содержание ФС в плодах вишни достигает в среднем 1200 мг/100 г. Особую ценность представляют межвидовые гибриды, полученные при участии вишни Маака, в плодах которых накопление ФС достигает 2000 мг/100 г и более (ВЧ 89-95-51, ВЧ 89-95-48, ВЧ 11-85-39, сорт ‘Памяти Левандовского’). Уровень содержания ФС в плодах сортов и гибридов калины превышает 1000 мг/100 г, составляя в среднем 1170 мг/100 г при максимуме 1300 мг/100 г (5-3-04, 7-4-03, № 3). Наибольший предел для ягод смородины черной и золотистой генофонда НИИСС составляет 1100 мг/100 г. Большими потенциальными возможностями у первой обладают сорта ‘Забавка’, ‘Лама’, ‘Сокровище’, ‘Агата’, ‘Гармония’, у второй – формы 3685/13, 3685/12, 3760-00-6.

Неоспоримая ценность плодовых и ягодных культур НИИСС как богатейших источников природных БАВ обусловлена и повышенной способностью к образованию пектиновых веществ. Безусловными лидерами в этом плане являются яблоня и смородина (черная, цветная, золотистая). Среднее содержание растворимого пектина в плодах яблони составляет 1,1% на сырую массу и варьирует в пределах 0,5 – 1,9%. Суммарное содержание пектиновых веществ достигает в среднем 2,0% с диапазоном варьирования от 1,4 до 4,2%.

Соответствующие показатели для смородины лежат в диапазоне 0,4 – 2,6% (в среднем 1%) и 0,7 – 3,9% (1,7%). Максимальное проявление указанные признаки получили у сорта яблони ‘Алтайское янтарное’. Значительным количеством пектина (1,5–1,9%) и пектиновых веществ (более 2%) отличаются сорта ‘Чупинское’, ‘Юбилейное Калининой’, ‘Гранатовый’, ‘Алтайское зимнее’, ‘Смугляночка’, ‘Юнга’, ‘Алтайское багряное’. Высоким уровнем содержания пектина (2,0–2,6%) характеризуются сорта смородины черной ‘Лентяй’, ‘Наташа’, гибридная форма 12-98-2, от 1,5 до 2% – ‘Голубка’, ‘Спас’, ‘Лучия’, ‘Экзотика’, ‘Забава’, ‘Баритон’, ‘Любимица Бакчара’, формы 3895/2, 4386-10-8, 2-93-1, 4387-10-5 и др. Ценными источниками пектиновых веществ (3,0–3,9%) являются сорта ‘Забава’, ‘Алтайская поздняя’, ‘Гармония’, ‘Лентяй’, ‘Лучия’, ‘Монисто’, ‘Чудное мгновенье’, гибриды 2-93-1, 4387-10-05, 4386-10-8 и др. От 1 до 1,6% пектина аккумулируют в своих плодах сорта и формы смородины золотистой ‘Подарок Ариадне’, ‘Левушка’, ‘Венера’, ‘Черный великан’, ‘Отрада’, 4197-06-1, 4394-1-5, 4268-00-1, 3761/3, 4394-1-5 и др., более 2% пектиновых веществ – ‘Левушка’, ‘Отрада’, ‘Подарок Ариадне’, ‘Сибирское солнышко’, 3685/19/19, 3760/4, 3593/11, 3593/16, 3594/5, 3594/30. Указанным культурам несколько уступает жимолость. Количество пектина в ягодах культуры варьирует в пределах 0,5 – 1,8%, пектиновых веществ – 0,8 – 2,8%. Перспективными источниками пектина (1,3–1,8%) являются сорта и формы ‘Золушка’, ‘Герда’, ‘Юмис’, ‘Ассоль’, ‘Калипсо’, ‘Сибирячка’, 28-1-06, 37-22-07, 33-4-07, 13-28-08, 14-14-08 и др., суммы пектиновых веществ (2,0–2,8%) – ‘Герда’, ‘Золушка’, ‘Сибирячка’, ‘Синий шарик’, ‘Юмис’, 16-3-94, 36-42-07, 37-22-07, 33-4-07 и др.

Особое место в комплексе БАВ плодов и ягод занимают токоферолы (витамин Е), которые, наряду с биофлавоноидами, считаются одними из самых сильных антиоксидантов. Ценнейшим источником природного витамина Е являются ягоды облепихи. Количество токоферолов в плодах алтайских сортов культуры в среднем составляет 96 мг/100 г с диапазоном варьирования от 72 до 126 мг/100 г. Наибольшим содержанием токоферолов характеризуется сорт ‘Огниво’ – 126,0 мг/100 г, повышенным – сорта ‘Чечек’ (99,7 мг/100 г), ‘Эссель’ (92,9 мг/100 г), ‘Чульшманка’ (88,4 мг/100 г). Уместно отметить, что в плодах сортов и гибридов облепихи коллекции НИИСС синтезируется до 50 мг/100 г каротиноидов, до 8% масла.

ОЦЕНКА АЛЛЕЛЬНОГО СОСТОЯНИЯ *Rpi* ГЕНОВ У РОДИТЕЛЬСКИХ ФОРМ ПО ХАРАКТЕРУ РАСЩЕПЛЕНИЯ ДНК-МАРКЕРОВ У F₁ ГИБРИДОВ КАРТОФЕЛЯ

Е. А. Заварихина*, Н. В. Алпатьева, Е. В. Рогозина

Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова, Санкт-Петербург, Россия, *zavarihinakat@gmail.com

ALLELE DOSAGE OF *Rpi* GENES IN PARENTAL FORMS DETECTED BY THE RESULT OF DNA MARKERS SEGREGATION STUDY IN F₁ POTATO HYBRIDS

E. A. Zavarikhina*, N. V. Alpat'eva, E. V. Rogozina

N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources, St. Petersburg, Russia, *zavarihinakat@gmail.com

Для ускорения селекционного процесса по созданию отечественных конкурентоспособных сортов картофеля необходимо развитие маркер-вспомогательной селекции (Симаков и др., 2020). В коллекции культурных форм и диких родичей картофеля ВИР представлено разнообразие генофонда, в том числе гибридные клоны и сорта

с высокой (7-8 баллов) устойчивостью к фитофторозу, несущие от одного до 4-5 *Rpi* генов и перспективные для использования в качестве родительских форм в селекции (Rogozina et al., 2021). При выборе партнеров для скрещивания, важна информация о составе и аллельном состоянии генов устойчивости, что позволяет прогнозировать долю ценных гибридных генотипов (Ермишин и др., 2016). Цель исследования – определить аллельное состояние гена *R1* у чилийского аборигенного картофеля сорта ‘Magelanes’ и гена *R3b* у клона 171-3 по характеру расщепления ДНК-маркеров у гибридов F_1 , полученных от скрещивания *Magelanes* × клон 171-3.

Материал и методы. 81 гибрид поколения F_1 , материнская форма – сорт ‘Magelanes’ и отцовская – клон 171-3 изучены на наличие SCAR маркеров генов *R1* (R1-1205, R1-BA47f2) и гена *R3b* (R3b-378). Препараты ДНК выделяли из листьев молодых растений. Условия проведения ПЦР и нуклеотидные последовательности праймеров аналогичны опубликованным (Gebhardt et al. 2004; Muratova et al. 2020).

Результаты ПЦР анализа подтверждают наличие маркеров генов *R1* и *R3b* у сорта ‘Magelanes’ и у клона 171-3 соответственно, и сегрегацию гибридов поколения F_1 по маркерам генов *R1* (R1-1205, R1-BA47f2) и гена *R3b* (R3b-378). Расщепление по маркерам гена *R1* соответствует отношению 1:1, что свидетельствует о наличии одного аллеля гена *R1* у сорта ‘Magelanes’ (таблица, рисунок).

Таблица. Расщепление по маркерам *Rpi* генов у гибридов F_1 *Magelanes* × клон 171-3

ДНК маркер (ген)	Число гибридов F_1 с маркером	Число гибридов F_1 без маркера	Ожидаемое расщепление	Хи-квадрат/ p-уровень
R1-BA47f2 (<i>Rpi-1</i>)	40	41	1:1	0.01/0.90-0.95
R1-1205 (<i>Rpi-1</i>)	38	43	1:1	0.3/0.50-0.75
R3b-378 (<i>R3b</i>)	36	45	1:1	1.0/0.25-0.50
Тот же	Тот же	Тот же	11:13*	0.06/0.90-0.95

*при двойной редукции

Расщепление по маркеру гена *R3b* (R3b-378) в большей степени соответствует отношению 11:13, чем 1:1 (см. таблицу). Избыток рецессивных форм при анализирующем скрещивании картофеля возникает в случае хроматидного расщепления и двойной редукции, что характерно для генов, удаленных от центромеры. Наши результаты хорошо согласуются с данными о локализации гена *R3b* на дистальном конце хромосомы 11 (Huang et al. 2004). Таким образом, мы установили, что обе родительских формы являются симплексами, несут по одному аллелю: гена *R1* – сорт ‘Magelanes’ и гена *R3b* – клон 171-3.

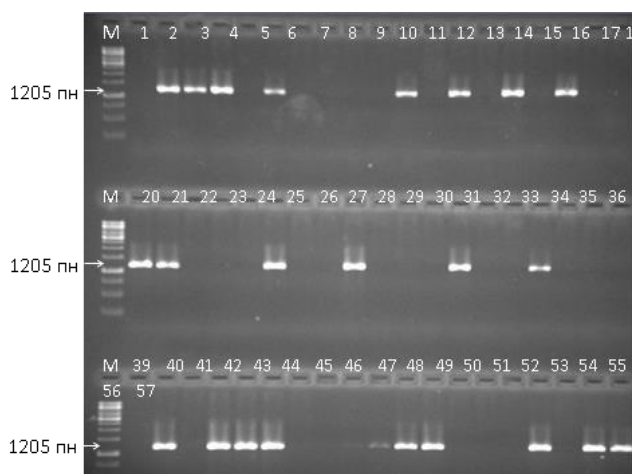


Рисунок. Электрофореграмма ПЦР-фрагментов, полученная с помощью праймеров R1-1250. Диагностический фрагмент гена *R1* у сорта ‘Magelanes’, – ампликон длиной 1205 пн.

М – маркер молекулярного веса GeneRule 1 kb (Thermo Scientific); 1 – клон 171-3; 2 – ‘Magelanes’; 3–57 – гибриды F_1

Список литературы

1. Ермишин А.П., Свиточ О.В., Воронкова Е.В., Лукша В.И., Гукасян О.Н., Полюхович Ю.В., Жарич В.М. Оценка исходного материала картофеля по составу и аллельному состоянию генов устойчивости к болезням и вредителям с целью оптимизации подбора родительских форм для гибридизации: методические рекомендации / НАН Беларуси, Институт генетики и цитологии НАН Беларуси. Минск, 2016. 56 с.
2. Симаков Е.А., Анисимов Б.В., Жевора С.В., Митюшкин А.В., Журавлев А.А., Митюшкин А.В., Гайзатулин А.С. Актуальные направления развития селекции и семеноводства картофеля в России // Картофель и овощи. 2020. № 12. С. 22–26. DOI: 10.25630/PAV.2020.49.70.005
3. Gebhardt C., Ballvora A., Walkemeier B., Oberhagemann P., Schuler K. Assessing genetic potential in germplasm collections of crop plants by marker-trait association: a case study for potatoes with quantitative variation of resistance to late blight and maturity type // Molecular Breeding. 2004. Vol. 13. P. 93–102. DOI: 10.1023/B:MOLB.0000012878.89855.df
4. Huang S., Vleeshouwers V.G.A.A., Werij J.S., Hutten R.C.B., van Eck H.J., Visser R.G.F., Jacobsen E. The *R3* Resistance to *Phytophthora infestans* in Potato is Conferred by Two Closely Linked *R* Genes with Distinct Specificities // Molecular Plant-Microbe Interactions. 2004. Vol. 17, No. 4. P. 428–435.
5. Muratova (Fadina) O.A., Beketova M.P., Kuznetsova M.A., Rogozina E.V., Khavkin E.E. South American species *Solanum alandiae* Card. and *S. okadae* Hawkes et Hjerting as potential sources of genes for potato late blight resistance // Proceedings on applied botany, genetics and breeding. 2020. Vol. 181, Iss. 1. P. 73–83. DOI: 10.30901/2227-8834-2020-1-73-83
6. Rogozina E.V., Beketova M.P., Muratova O.A., Khavkin E.E., Kuznetsova M.A. Staking resistance genes in multiparental interspecific potato hybrids to anticipate late blight outbreaks // Agronomy. 2021. Vol. 11, No. 1. Article ID: 115. DOI: 10.3390/agronomy11010115

РОЛЬ ГЕНОВ ТРАНСКРИПЦИОННЫХ ФАКТОРОВ В УСТОЙЧИВОСТИ МЯГКОЙ ПШЕНИЦЫ К ЗАСУХЕ

Е. А. Заикина*, Б. Р. Кулуев

Институт биохимии и генетики – обособленное структурное подразделение Уфимского федерального исследовательского центра Российской академии наук, Уфимский федеральный исследовательский центр Российской академии наук, Уфа, Республика Башкортостан, Россия, *evisheva@yandex.ru

THE ROLE OF TRANSCRIPTION FACTOR GENES IN RESISTANCE OF BREAD WHEAT TO DROUGHT

E. A. Zaikina*, B. R. Kuluev

Institute of Biochemistry and Genetics – Subdivision of the Ufa Federal Research Centre of the Russian Academy of Sciences, Ufa Federal Research Centre of the Russian Academy of Sciences, Ufa, Republic of Bashkortostan, Russia, *evisheva@yandex.ru

Мягкая пшеница (*Triticum aestivum* L.) является одной из важнейших продовольственных культур мира. Засуха влияет на рост и урожайность растений пшеницы, приводя к огромным потерям урожая на стадии налива зерна (Uradhyay et al., 2020). В связи с этим является актуальным создание засухоустойчивых сортов пшеницы. Транскрипционные факторы (ТФ) являются многообещающими кандидатами для генной инженерии, так как один ТФ контролирует множество нижестоящих генов-мишеней. Среди

множества TF наибольшее значение при ответе на абиотический стресс имеют семейства NAC, DREB, bZIP и WRKY (Baillio et al., 2019). Целью данной работы было изучение роли генов *TaNAC69*, *TaDREB1*, *TabZIP60* и *TaWRKY19* в регуляции засухоустойчивости мягкой пшеницы. Для этого определяли уровни экспрессии данных генов при воздействии засухи у сортообразцов мягкой пшеницы, используемых в селекции мягкой пшеницы в условиях Предуральской степной зоны.

В работе были использованы следующие сорта мягкой пшеницы: ‘Зауральская жемчужина’, ‘Архат’, ‘Тулайковская 108’, ‘Башкирская 28’, ‘Омская 36’, ‘Экада 113’, а также две перспективные линии башкирской селекции Л43706 и Л43466. Растения выращивали в теплице при +18°C при естественном освещении. Через 30 суток выращивания опытные образцы подверглись стресс-обработке – 5 и 10 суток засухи. Образцы РНК из листьев пшеницы выделяли тризолом, далее строили кДНК и проводили стандартный ОТ-ПЦР в режиме реального времени.

В результате проведенных исследований было показано, что транскрипционная активность гена *TaNAC69* под воздействием засухи возрастала во всех образцах, а особенно у Л 43466, ‘Архат’, ‘Экада 113’ и ‘Башкирская 28’.

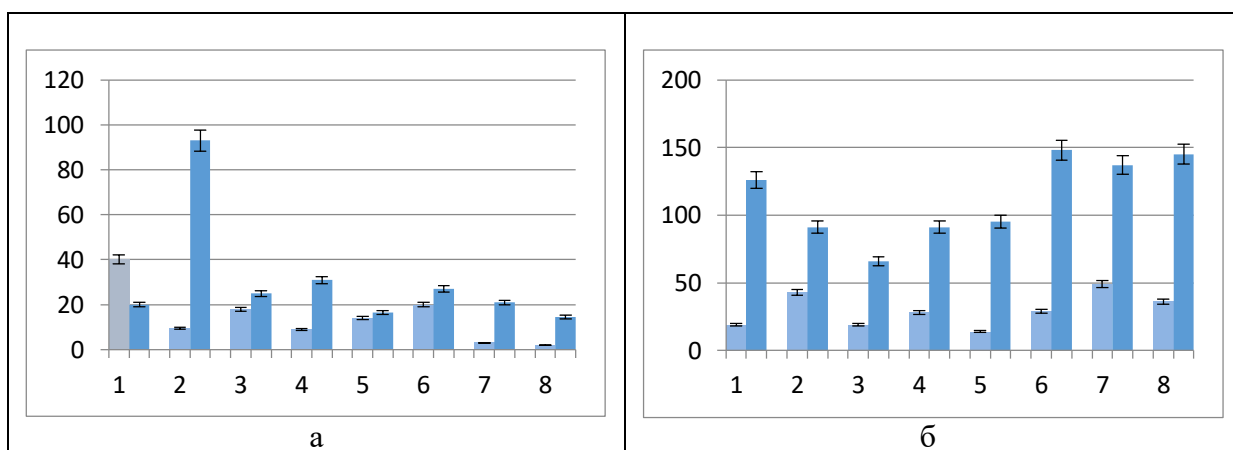


Рисунок. Относительный уровень транскрипционной активности гена *TaNAC69* в ответ на засуху: а) засуха 5 суток, б) засуха 10 суток. По оси Y транскрипционная активность в % к RLI, по оси X даны сорта и линии мягкой пшеницы: 1 – Л43706, 2 – Л43466, 3 – ‘Зауральская жемчужина’, 4 – ‘Архат’, 5 – ‘Тулайковская 108’, 6 – ‘Омская 36’, 7 – ‘Экада 113’, 8 – ‘Башкирская 28’. Голубой столбец – контроль (нормальные условия), синий столбец – опыт (стрессовые условия). n = 3. * – P < 0,05

Высокая транскрипционная активность гена *TaDREB1* сохранялась в течение всего эксперимента. При засухе 5 суток наибольший рост транскрипционной активности гена *TaDREB1* наблюдался у сортообразцов Л43706, Л43466 и ‘Башкирская 28’. Под воздействием длительной засухи повышение уровня экспрессии гена *TaDREB1* показывали образцы Л43706, Л43466, ‘Зауральская жемчужина’, ‘Омская 36’, а наибольшее – ‘Тулайковская 108’. Ген *TabZIP60* показал максимальные значения уровня экспрессии по сравнению с генами *TaNAC69*, *TaDREB1*, *TaWRKY19*. Образец Л43466 имел самые высокие показатели транскрипционной активности гена *TabZIP60* при воздействии засухи. Под воздействием засухи 5 суток в образцах Л43706, ‘Тулайковская 108’, ‘Омская 36’, ‘Экада 113’ наблюдалось многократное снижение транскрипционной активности гена *TaWRKY19* по сравнению с контролем. Но длительная засуха оказывала стимулирующее действие на транскрипционную активность гена *TaWRKY19*. Так, в образцах Л43706, ‘Зауральская жемчужина’, ‘Тулайковская 108’, ‘Омская 36’, ‘Экада 113’ исследуемый ген экспрессировался интенсивнее по сравнению с контролем. Из всех предложенных генов транскрипционных факторов – ген *TaNAC69* наилучшим образом реагировал на засуху, показав самое высокое изменение транскрипционной активности в образцах Л43706,

Л43466, ‘Омская 36’, ‘Башкирская 28’. Наибольшие позитивные изменения транскрипционной активности в стрессовых условиях по всем изучаемым генам показали сорта и линии – Л43466, ‘Башкирская 28’. Ген *TaNAS69* может быть использован в маркер-ориентированной селекции в качестве гена засухоустойчивости.

Работа выполнена при поддержке гранта № 075-15-2021-1066 от 28 сентября 2021 г.

Список литературы

1. Baillo E.H., Kimotho R.N., Zhang Z., Xu P. Transcription Factors Associated with Abiotic and Biotic Stress Tolerance and Their Potential for Crops Improvement // *Genes*. 2019. Vol. 10, No. 10. Article ID: 771. DOI: 10.3390/genes10100771

2. Upadhyay D., Budhlakoti N., Singh A.K., Bansal R., Kumari J., Chaudhary N., Padaria J.C., Sareen S., Kumar S. Drought tolerance in *Triticum aestivum* L. genotypes associated with enhanced antioxidative protection and declined lipid peroxidation // *3 Biotech*. 2020. Vol. 10, No. 6. Article ID: 281. DOI: 10.1007/s13205-020-02264-8

РАЗРАБОТКА НОВЫХ РЕТРОТРАНСПОЗОННЫХ МАРКЕРОВ ДЛЯ ИЗУЧЕНИЯ ГЕНЕТИЧЕСКОГО РАЗНООБРАЗИЯ РОДА *RUBUS* L.

А. М. Камнев*, О. Ю. Антонова

Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова, Санкт-Петербург, Россия, *antonkamen@mail.ru

DEVELOPMENT OF NEW RETROTRANSPOSON-BASED MARKERS FOR STUDYING OF GENETIC DIVERSITY OF *RUBUS* L.

A. M. Kamnev*, O. Yu. Antonova

N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources, St. Petersburg, Russia, *antonkamen@mail.ru

Малина является одной из наиболее ценных и распространенных ягодных культур в России. По объемам выращивания и производства этой ягоды, по данным ФАО ВОЗ, Россия занимает первое место в мире. Данный факт повышает актуальность изучения генетического разнообразия существующего сортимента малины, а также природных популяций ее диких родичей. Для изучения генетического разнообразия растений необходимы высокополиморфные молекулярные маркеры, которые будут обеспечивать несложную процедуру лабораторной диагностики и высокую стабильность анализов. Это особенно актуально для такой культуры, как малина, поскольку традиционно применяющиеся маркерные технологии (например, SSR) показывают низкий полиморфизм: средние значения индекса PIC у микросателлитных маркеров по данным разных авторов лежат в диапазоне от 0,3 до 0,4 (Dosssett et al., 2012; Girichev et al., 2015), для некоторых локусов могут отмечаться крайне низкие показатели PIC 0,056 и 0,100 (Girichev et al., 2015). Альтернативой могут служить маркеры, разработанные на основе знаний о последовательностях мобильных генетических элементов, в частности, ретротранспозонов. Ретротранспозоны делятся на элементы, обладающие длинными концевыми повторами (LTR-ретротранспозоны), и не имеющие таковых (LINE- и SINE-элементы). В последнее время возрастает интерес к поиску и изучению SINE-ретротранспозонов в различных растениях: картофель (Seibt et al., 2012), дыня (Sormin et

al., 2021) и тополь (Reiche et al., 2021). SINE-ретротранспозоны отличаются высокой гетерогенностью, но при этом имеют ряд общих черт в строении, что позволило разработать программный алгоритм, направленный на поиск таких элементов в полногеномных сиквенсах. Знание о последовательностях SINE-элементов позволяет разработать в их наиболее консервативных участках праймеры для амплификации ДНК-фрагментов между SINE-элементами. Данный метод получил наименование ISAP (Inter-SINE Amplified Polymorphism – Полиморфизм длин фрагментов между SINE-элементами).

Цель исследования – проанализировать полученный из базы данных геномов розовых (GDR) полногеномный сиквенс малины западной (*Rubus occidentalis* L.) на наличие и распределение по геному SINE-элементов. На основе полученных данных о наличии SINE-ретротранспозонов в исследуемом геноме разработать и апробировать праймеры, позволяющие амплифицировать последовательности между SINE-элементами (метод ISAP-маркирования).

Для поиска SINE-элементов в полногеномном сиквенсе *R. occidentalis* использовалась программа SINE-Finder, разработанная Wenke et al. (2011) и содержащая в себе алгоритм поиска последовательностей SINE-ретротранспозонов, основанный на общих чертах их строения. В дальнейшем с помощью алгоритма ClustalO найденные последовательности были выравнены и разгруппированы в кластеры. Для каждого кластера были выявлены консервативные участки, к которым с помощью программы Primer3Plus были подобраны праймеры для амплификации.

В полногеномном сиквенсе малины западной с помощью программы SINE-Finder было обнаружено 1920 SINE-элементов. С помощью программы ClustalO найденные SINE-элементы были выравнены, и по результатам выравнивания была построена кладограмма, в которой выявленные ретротранспозоны образовали порядка 10 кластеров (или семейств). По методике, предложенной Seibt et al. (2012), для каждого кластера в наиболее консервативных районах были разработаны и апробированы ISAP-праймеры; в результате было отобрано 5 пар праймеров, генерирующих полиморфные фрагменты у образцов малины и ежевики. Пример амплификации маркеров такого типа представлен на рисунке.

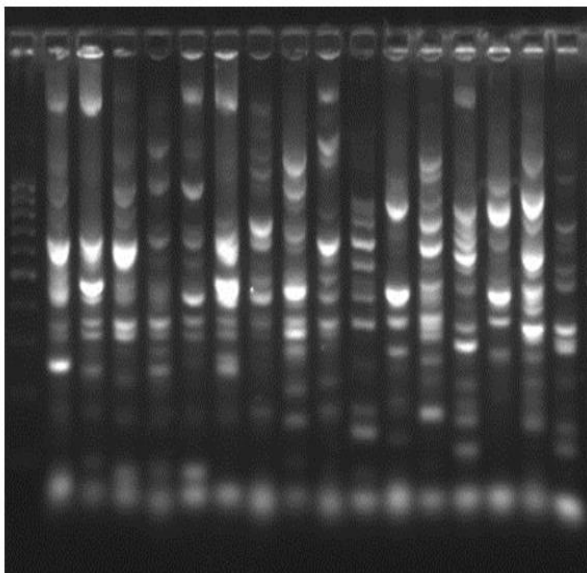


Рисунок. Амплификация образцов малин и ежевик с ISAP-маркером RubFam2

По итогу работы разработаны и апробированы первые праймеры, позволяющие генерировать и изучать полиморфизм между SINE-элементами (ISAP-метод). Применение

биоинформатических подходов позволяет находить в отсеквенированных геномах ранее не описанные генетические элементы, в т. ч. и SINE-ретротранспозоны.

Список литературы

1. Dossett M., Bassil N.V., Lewers K.S., Finn C.E. Genetic diversity in wild and cultivated black raspberry (*Rubus occidentalis* L.) evaluated by simple sequence repeat markers // Genetic Resource and Crop Evolution. 2012. Vol. 59. P. 1849–1865. DOI: 10.1007/s10722-012-9808-8
2. Girichev G., Hanke M.V., Peil A., Flachowsky H. SSR fingerprinting of a German *Rubus* collection and pedigree-based evaluation on trueness-to-type // Genetic resources and crop evolution. 2015. Vol. 64. P. 89–103. DOI: 10.1007/s10722-015-0345-0
3. Reiche B., Kögler A., Morgenstern K., Brückner M., Weber B., Heitkam T., Seibt K.M., Tröber U., Meyer M., Wolf H., Schmidt T., Krabel D. Application of retrotransposon-based Inter-SINE Amplified Polymorphism (ISAP) markers for the differentiation of common poplar genotypes // The Canadian Journal of Forest Research. 2021. Vol. 51, No. 11. P. 1650–1663. DOI.org/10.1139/cjfr-2020-0209
4. Seibt K.M., Wenke T., Wollrab C., Junghans H., Muders K., Dehmer K.J., Diekmann K., Schmidt T. Development and application of SINE-based markers for genotyping of potato varieties // Theoretical and Applied Genetics. 2012. Vol. 125, No. 1. P. 185–196. DOI: 10.1007/s00122-012-1825-7
5. Sormin S.Y., Purwantoro A., Setiawan A.B., Teo C.H. Application of inter-SINE amplified polymorphism (ISAP) markers for genotyping of Cucumis melo accessions and its transferability in *Coleus* spp. // Biodiversitas. 2021. Vol. 22, No. 5. P. 2918–2929. DOI: 10.13057/biodiv/d220557
6. Wenke T., Döbel T., Sörensen T.R., Junghans H., Weisshaar B., Schmidt T. Targeted identification of short interspersed nuclear element families shows their widespread existence and extreme heterogeneity in plant genomes // Plant. Cell. 2011. Vol. 23. P. 3117–3128. DOI: 10.1105/tpc.111.088682

ПОПОЛНЕНИЕ КОЛЛЕКЦИИ МЕЖВИДОВЫХ ГИБРИДОВ КАРТОФЕЛЯ В РЕСПУБЛИКЕ БЕЛАРУСЬ

**В. А. Козлов*, А. В. Чашинский, Н. В. Русецкий, И. А. Михалькович, Т. В. Семанюк,
Д. В. Башко**

РУП «Научно-практический центр Национальной академии наук Беларуси по
картофелеводству и плодовоовощеводству», аг. Самохваловичи, Республика Беларусь,
*wiko@mail.ru

REPLENISHMENT OF THE COLLECTION OF INTERSPECIFIC POTATO HYBRIDS IN THE REPUBLIC OF BELARUS

V. Kozlov*, A. Chashinsky, N. Rusetsky, I. Mikhalkovich, T. Semaniuk, D. Basko
Research and Practical Center of NAS of Belarus for Potato, Fruit and Vegetable Growing,
a.g. Samokhvalovichi, Republic of Belarus, *wiko@mail.ru

Для устойчивого развития Республики Беларуси и обеспечения ее продовольственной безопасности в области производства картофеля необходимо вести постоянную работу по созданию новых высокопродуктивных сортов с комплексом хозяйственно ценных признаков. Эта работа возможна лишь при наличии достаточного количества нового генетически разнообразного материала для селекции картофеля. Как

показывает мировая практика, те страны, у которых хорошо поставлена работа с генетическими ресурсами, добились на современном этапе значительных успехов в селекции картофеля. Поэтому сохранение уже имеющегося в Беларуси генофонда культурного картофеля (сорта белорусского и мирового генофонда картофеля, источники и доноры селекционно ценных признаков, близкородственные и отдаленные гибриды картофеля) и его обогащение новыми генотипами, способными повысить конкурентоспособность белорусского картофеля определяет актуальность исследований.

В лаборатории генетики картофеля сохраняются, пополняются, изучаются коллекции диких и культурных видов картофеля (в культуре *in vitro* и поддерживаемые клубневым репродукцированием), сортов мирового генофонда картофеля, межвидовых гибридов, дигамплоидов и диплоидных гибридов, соматических гибридов и трансгенного картофеля.

Одним из основных направлений исследования лаборатории является создание на основе диких и культурных видов нового исходного материала с комплексом хозяйственно ценных признаков. В 2020 г. коллекция межвидовых гибридов картофеля пополнилась 36 новыми гибридами. Межвидовые содержат в своем генотипе от 2 до 6 диких видов, характеризуются относительно высокой и высокой устойчивостью к фитофторозу и возбудителям черной ножки. Ряд из них обладает высокой устойчивостью вирусам PVX, PVY, PVA, PVS и PVM. Продуктивность у данных гибридов составила от 650 до 2460 г/куст, содержание крахмала в клубнях – от 13,0 до 22,7%. Среди них также выделены формы с высокой пригодностью к промышленной переработке после 5 месяцев холодного хранения без рекондиционирования. Большинство межвидовых гибридов картофеля протестированы на наличие ДНК-маркеров генов устойчивости к фитофторозу, бледной и картофельной нематодам, раку картофеля, вирусным болезням и генов, отвечающих за накопление полисахаридов в клубнях картофеля.

Многие из представленных гибридов вовлечены в селекционный процесс и на их основе получен перспективный материал для различных направлений селекции картофеля.

В таблице представлено происхождение гибридов и их характеристика по продуктивности и содержанию крахмала.

Таблица. Характеристика межвидовых гибридов картофеля по продуктивности и содержанию крахмала, 2017–2020 гг.

Селекционный номер	Дикий вид, на основе которого получен гибрид	Группа спелости	Продуктивность, г/куст	Содержание крахмала, %
14-13-2	<i>sto, plt, adg, vrn, ryb</i>	с.п.	1215	17,3
42-13-20	<i>blb</i>	с.п.	1525	15,9
42-13-38	<i>blb</i>	с.п.	1295	13,0
45-13-33	<i>sto, plt, vrn</i>	с.п.	1095	18,4
45-13-7	<i>sto, plt, vrn</i>	с.п.	1320	17,4
46-13-1	<i>blb, dms, adg, ryb, acl, phu</i>	с.п.	1313	15,7
98-13-12	<i>sto, plt, adg</i>	с.п.	1429	17,1
116-13-12	<i>blb, dms, adg, ryb, acl, phu</i>	с.п.	1332	19,2
118-13-11	<i>blb, dms, adg</i>	с.п.	1087	16,0
162-13-1	<i>sto, plt, vrn</i>	п.	782	21,5
163-13-1	<i>blb, dms</i>	п.	1757	19,9
163-13-4	<i>blb, dms</i>	п.	1390	19,8
166-13-7	<i>dms, adg</i>	п.	1312	20,7
166-13-11	<i>dms, adg</i>	п.	1187	18,7
166-13-18	<i>dms, adg</i>	п.	1347	20,5
0216.38-11	<i>dms, mcd, adg</i>	с.с.	1216	21,5

Селекционный номер	Дикий вид, на основе которого получен гибрид	Группа спелости	Продуктивность, г/куст	Содержание крахмала, %
0216.40-4	<i>adg</i>	с.с.	2466	22,7
215.230-12	<i>adg</i>	с.с.	1060	20,1
209.23-27	<i>ver, ber</i>	с.с.	1166	20,5
215.274-20	<i>ryb, ver, ber</i>	с.п.	956	20,4
213.25-8	<i>sto, chc, ber, mcd, dms</i>	с.п.	1130	18,3
215.13-1	<i>okd, vrn</i>	с.с.	650	20,8
215.15-2	<i>ver, ber</i>	с.с.	1675	19,3
206.180-2	<i>vrn, ber, phu</i>	с.п.	1060	20,7
205.150-92	<i>vrn, adg, phu</i>	с.п.	1100	18,1
206.78-40	<i>dms, adg, mcd</i>	с.п.	1060	18,8
204.29-5	<i>adg</i>	с.п.	1230	13,5
209.59-3	<i>dms, adg, mcd</i>	с.п.	1115	16,6
205.213-36	<i>adg, ver, chc</i>	с.п.	975	18,3
38xy14-8	<i>sto, ryb, chc, ber, adg</i>	с.с.	1277	12,8
18y14-9	<i>sto, chc, acl</i>	с.п.	1345	12,0
40xy14-11	<i>sto, acl</i>	с.п.	1418	12,1
4xys14-11	<i>sto, phu</i>	с.с.	1108	13,1
61y14-2	<i>chc, adg, dms, blb, acl</i>	с.п.	1505	14,0
H165-2	<i>chc, etb</i>	с.с.	1229	13,6
Kc84y13-8	<i>sto, acl, adg,</i>	п.	1489	16,3

ЮВЕНИЛЬНАЯ УСТОЙЧИВОСТЬ ОБРАЗЦОВ ДИКИХ ВИДОВ РОДА *TRITICUM L.* ИЗ КОЛЛЕКЦИИ ВИР К ГРИБНЫМ БОЛЕЗНЯМ

М. А. Колесова*, Н. С. Лысенко, Л. Г. Тырышкин

Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова, Санкт-Петербург, Россия, *markolesova@yandex.ru

SEEDLING RESISTANCE TO FUNGAL DISEASES IN ACCESSIONS OF WILD *TRITICUM L.* SPECIES FROM THE VIR COLLECTION

M. A. Kolesova*, N. S. Lysenko, L. G. Tyryshkin

N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources, St. Petersburg, Russia, *markolesova@yandex.ru

Развитие листовых болезней является одним из важнейших факторов снижения урожая и качества зерна мягкой пшеницы *Triticum aestivum L.* Выращивание устойчивых сортов остается наиболее выгодным и экологически безопасным методом защиты культуры от болезней. Ранее выделенные и созданные в мире доноры высокого уровня резистентности могут терять признак как в результате быстрых микроэволюционных процессов в популяциях фитопатогенов по признакам вирулентности и агрессивности, так и в результате глобального изменения климатических условий в главных регионах выращивания пшеницы. Вследствие этого поиск новых источников резистентности к основным болезням *T. aestivum* остается актуальной задачей.

Мировая коллекция Всероссийского института генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова (ВИР, Россия, Санкт-Петербург) представляет огромный интерес для выделения ценного селекционного материала, в том числе и устойчивого к вредоносным

грибным болезням. Однако наши исследования показали, что генофонд коллекции мягкой пшеницы ВИР крайне беден по эффективным генам ювенильной и возрастной устойчивости к листовой ржавчине (возбудитель – *Puccinia triticina* Erikss.), септориозу колоса (*Stagonospora nodorum* (Berk.) Castell. et Germano) и темно-бурой листовой пятнистости (*Bipolaris sorokiniana* (Sacc.) Shoemaker).

Одним из надежных методов расширения разнообразия *T. aestivum* по эффективной резистентности к болезням является интрогрессивная гибридизация с близкородственными видами.

Цель настоящего исследования – характеристика по эффективной ювенильной устойчивости к четырем вредоносным грибным болезням образцов диких видов пшеницы.

Материал исследования включал 32 образца *T. boeoticum* Boiss., 33 – *T. urartu* Thum. ex Gandil., 34 – *T. araraticum* Jakubz., 74 – *T. dicoccoides* (Koern. ex Aschers. et Graebn.) Schweinf. из коллекции генетических ресурсов растений ВИР.

Устойчивость изучали при заражении возбудителями болезней проростков образцов в контролируемых лабораторных условиях. Для заражения использовали природные популяции возбудителей листовой ржавчины и мучнистой росы (*Blumeria graminis* (DC.) Speer f. sp. *tritici* Marchal), смесь шести изолятов *S. nodorum*, смесь пяти природных изолятов *B. sorokiniana*.

Отрезки листьев устойчивых к листовой ржавчине образцов заражали монопустульными изолятами *P. triticina*, вирулентными к линиям пшеницы с генами *Lr9*, *Lr19*, *Lr24*, *Lr41* и *Lr47*.

Учет типа реакции на заражение *P. triticina* и *B. graminis* проводили на 12-е сутки после инокуляции по общепринятым шкалам с модификациями. Типы 0, 0₁ и 1 соответствуют высокому уровню устойчивости, 2, ep. и X – среднему уровню устойчивости и 3 – восприимчивости.

Учет развития септориоза и темно-бурой листовой пятнистости проводили через 7 суток после инокуляции по 7-балльной шкале. Образцы, пораженные на баллы 0, 1 и 2 считали высокоустойчивыми, 3 и 4 – среднеустойчивыми, 5 и 6 – восприимчивыми.

Все изученные образцы *T. boeoticum*, *T. urartu*, *T. araraticum* и *T. dicoccoides* были восприимчивы к септориозу и темно-бурой листовой пятнистости. Высоким уровнем ювенильной устойчивости к листовой ржавчине характеризовались шесть образцов изученных видов: 2 образца *T. boeoticum* к-62492 (Болгария), к-66369 (Турция); 3 образца *T. urartu* к-64777, к-64782, к-64783 (все из Ливана) и 1 образец *T. araraticum* к-66372 из Турции. Пример поражения проростков этими болезнями представлен на рисунке.

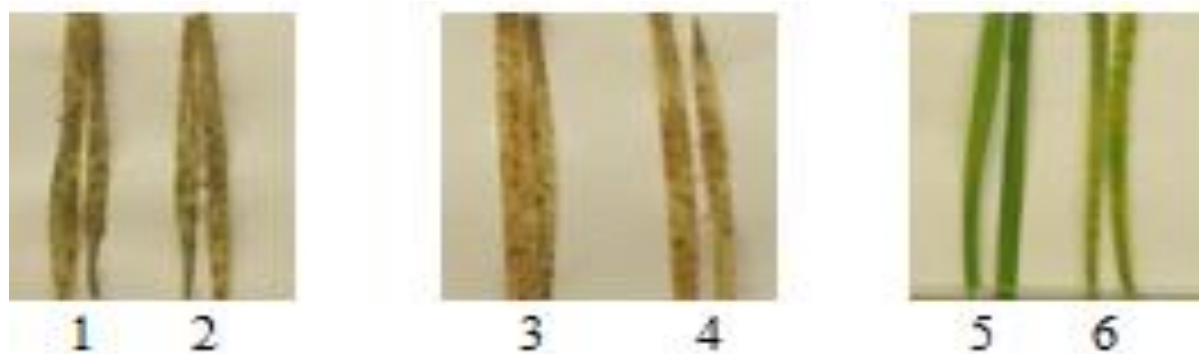


Рисунок. Поражение проростков образцов диких видов пшеницы из коллекции ВИР болезнями: темно-бурой листовой пятнистостью – 1. *Triticum urartu* к-58504, 2. *T. araraticum* к-28244; септориозом – 3. *T. urartu* к-58497, 4. *T. urartu* к-66361; листовой ржавчиной – 5. *T. boeoticum* к-62492, 6. *T. boeoticum* к-62491

Гены ювенильной устойчивости к ржавчине *Lr9*, *Lr19*, *Lr24*, *Lr41* и *Lr47* сохраняют свою эффективность на Северо-Западе России. Отрезки листьев шести устойчивых к популяции *P. triticina* инокулировали монопустульными изолятами патогена, вирулентными к образцам мягкой пшеницы с этими генами резистентности. Все образцы были высокоустойчивы к изолятам *P. triticina* и, следовательно, не могут быть защищены единичными генами *Lr9*, *Lr19*, *Lr24*, *Lr41* и *Lr47*.

Высокоустойчивыми к мучнистой росе были 12 образцов *T. dicoccoides* – к-61709, к-61720, к-61732, к-61753, к-61764, к-61767, к-61768, к-61805, к-61811, к-61833 (все из Израиля), к-61712 (Сирия), к-61715 (Иордания); 3 образца *T. boeoticum* – к-58489 (Азербайджан), к-62491 (Болгария), к-66370 (Турция) и 1 образец *T. araraticum* – к-64846 (Турция).

Таким образом, в результате проведенной работы были выделены образцы *T. boeoticum*, *T. urartu*, *T. araraticum* из коллекции генетических ресурсов растений ВИР с эффективной ювенильной устойчивостью к природной популяции возбудителя листовой ржавчины; образцы *T. dicoccoides*, *T. boeoticum*, *T. araraticum*, характеризующиеся высоким уровнем резистентности к мучнистой росе.

Работа выполнена в рамках государственного задания согласно тематическому плану ВИР по теме № 0481-2022-0001 «Структурирование и раскрытие потенциала наследственной изменчивости мировой коллекции зерновых и крупяных культур ВИР для развития, оптимизированного генбанка и рационального использования в селекции и растениеводстве».

КОМПЛЕКСНОЕ ИЗУЧЕНИЕ ОБРАЗЦОВ МАСЛИЧНОГО ЛЬНА В УСЛОВИЯХ ЦЕНТРАЛЬНОГО НЕЧЕРНОЗЕМЬЯ

И. А. Куземкин^{*1}, Т. А. Рожмина²

¹Ленинградская межобластная ветеринарная лаборатория, Санкт-Петербург, Россия,
*drkozin@yandex.ru

²Федеральный научный центр лубяных культур, Тверь, Россия

COMPREHENSIVE STUDY OF OIL FLAX SAMPLES UNDER THE CONDITIONS OF THE CENTRAL NON-BLACK EARTH REGION

I. A. Kuzemkin*, T. A. Rozhmina

¹Leningrad Interregional Veterinary Laboratory, St. Petersburg, Russia, *drkozin@yandex.ru

²Federal Research Center for Bast Crops, Tver, Russia

В последнее десятилетие отмечается стремительный рост посевной площади, занятой под масличным льном в Российской Федерации, которая в настоящее время достигает свыше 1 млн га. Это обусловлено, с одной стороны, высокой технологичностью культуры, а с другой – уникальностью биохимического состава семян, что позволяет их использовать в различных отраслях промышленности – химической, пищевой, фармацевтической и других. Учитывая расширение ареала возделывания масличного льна, необходимы сорта, способные обеспечить высокий и гарантированный урожай в условиях северных широт, в частности, Центрального Нечерноземья России. Более того, в современных условиях важно решение стратегической задачи – увеличение объемов производства волокнистого натурального сырья с определенными качественными параметрами для удовлетворения потребностей различных секторов экономики – текстильной, фармацевтической, химической промышленности, военно-промышленного

комплекса, автомобилестроения и т. д. (Рожмина и др., 2017). Особая роль в решении этого вопроса принадлежит селекции льна, основанной на использовании генетического разнообразия культуры.

Цель данной работы заключалась в комплексном изучении образцов генофонда масличного льна для выявления исходных форм для создания сортов многоцелевого назначения.

Исследования проводили в 2015–2017 гг. в Центральном Нечерноземье на базе Научно-исследовательского института льна (г. Торжок, Тверская обл.).

В испытаниях было включено 38 перспективных линий и сортов масличного льна из коллекции Федерального научного центра лубяных культур.

Образцы ЛМ 98 (Россия), Pim (Р. Беларусь), Flanders (Канада), AGT 302/10, IDG 4102, AGT 1538/07 и AGT 1568/07 (Чешская Республика) обеспечили наибольшую урожайность семян – 1,05–1,35 т/га, что на 16,7–35,0% выше стандарта – сорта ‘Северный’. По содержанию масла в семенах не уступали высокомасличному сорту ‘Северный’, такие образцы как ‘Уральский’, № 3814, № 3817 (Россия), AGT 427/10 (Чешская Республика), ‘Mc Duff’ (Канада), у которых величина признака находилась на уровне 43,7–47,0%. Выявлены генотипы со средним – AGT 422/10, ‘Raciol’ и низким – AGT 987/02, AGT 981/5, AGT 368/10 (Чешская Республика), ‘Lola’ (Нидерланды) содержанием линоленовой кислоты фармацевтического и пищевого назначения. Наиболее высокую урожайность льноволокна обеспечили сорта ‘Recital’ (Чешская Республика) и ‘Vitagold’ (Германия), которая составила по данным 3-летних испытаний 0,75 и 0,77 т/га, а при благоприятных условиях, которые сложились в 2017 году, – 1,03 и 0,96 т/га соответственно при средней урожайности льна-долгунца по стране 0,92 т/га. Сорта ‘Raciol’ и ‘Recital’ имеют повышенную декортикционную способность стебля (закостренность луба – 19,8 и 16,7% соответственно), что позволяет получить качественную целлюлозу для ВПК и фармацевтической промышленности (хирургическая нить, ватно-марлевые повязки и др.). По результатам морфо-анатомической оценки стеблей также выделился сорт ‘Raciol’, у которого лубяные пучки имеют компактную (диаметр просвета элементарных волокон – 6,89 мкм) и граненую форму, что является свидетельством хорошего качества волокна при использовании в текстильной промышленности. Кроме того, этот генотип отличается низкой степенью одревеснения элементарных волокон (13,1%) и высоким их содержанием (1033 шт.) при небольшом диаметре волокнистых пучков (18,3 мкм), данные параметры соответствует уровню эталона по качеству волокна – сорту льна-долгунца ‘Светоч’.

Полученные результаты указывают на широкие возможности селекции как в части «осеверения» масличного льна, так и расширения диверсификационного потенциала культуры.

Данная работа выполнена при поддержке Минобрнауки науки по теме государственного задания FGSS-2019 -2016.

Список литературы

1. Рожмина Т.А., Рыжов А.И., Куземкин И.А., Киселева Т.С. Внутривидовое разнообразие льна культурного (*Linum usitatissimum* L. и его роль в решении проблемы сырьевого обеспечения страны // Достижения науки и техники АПК. 2017. Т. 31, № 12. С. 17–20.

ВТОРИЧНЫЙ ЭМБРИОГЕНЕЗ В КУЛЬТУРЕ ИЗОЛИРОВАННЫХ МИКРОСПОР *IN VITRO* МОРКОВИ СТОЛОВОЙ (*DAUCUS CAROTA* L.)

Ю. В. Кулаков, Е. А. Домблидес

Федеральный научный центр овощеводства, Московская область, Россия,
ykulakov12@yandex.ru, edomblides@mail.ru

SECONDARY EMBRYOGENESIS OF CARROT (*DAUCUS CAROTA* L.) IN THE CULTURE OF ISOLATED MICROSPORES *IN VITRO*

Y. V. Kulakov, E. A. Domblides

Federal Scientific Vegetable Center, Moscow region, Russia, ykulakov12@yandex.ru,
edomblides@mail.ru

Культура микроспор *in vitro* (андрогенез) занимает ведущее место в программах селекции по ускорению создания высокопродуктивных гибридов и сортов сельскохозяйственных растений. Изолированные из пыльников микроспоры при определенных условиях (стрессовое воздействие и оптимальная комбинация условий культивирования) могут быть переведены с гаметофитного пути развития на спорофитный, при этом продуцируя эмбриониды, переходящие в гаплоиды (Hs) или в удвоенные гаплоиды (DH-растения). Протоколов по получению удвоенных гаплоидов в культуре изолированных микроспор моркови столовой (*Daucus carota* L.) ограниченное количество по сравнению с такими культурами, как ячмень, пшеница, рис, рапс, табак (Seguí-Simarro et al., 2021). Целью исследования было изучить процесс первичного и вторичного эмбриогенеза в культуре *in vitro*, что позволит в дальнейшем оптимизировать отдельные этапы технологии с целью увеличения выхода DH-растений на большем количестве генотипов.

В культуре изолированных микроспор *in vitro* на индукционной питательной среде MSm (Masuda et al., 1981), дополненной 13% сахарозой, 1 мг/л 2,4-Д, 1 мг/л НУК и 200 мг/л ампициллина, были получены удвоенные гаплоидные растения моркови столовой из сортообразца 'Алтайская лакомка'. При оптимизации этапов технологии к 35 дню культивирования на индукционной питательной среде удалось получить до $93,3 \pm 17,2$ шт./чашку Петри первичных эмбрионидов. С использованием инвертированного микроскопа Primo Vert (Carl Zeiss Microscopy GmbH, Germany) с камерой AxioCam ERc5s и стереомикроскопа Stemi 508 с камерой AxioCam 305 color (Carl Zeiss Microscopy GmbH, Germany) был изучен и фотодокументирован процесс первичного и вторичного эмбриогенеза моркови столовой в культуре изолированных микроспор *in vitro*.

Показано, что индукция андрогенеза из микроспоры, находящейся на поздней вакуолизированной стадии, и развитие эмбриоида до семядольной стадии занимает до 30 суток. Было отмечено, что в чашке Петри созревание эмбрионидов происходит одновременно и в одной и той же чашке Петри могут находиться эмбриониды на разных стадиях развития. При дальнейшем наблюдении за развивающимися эмбриоидами в течение 60 суток было отмечено, что с увеличением времени культивирования количество образовавшихся эмбрионидов заметно увеличивается. Причем скорость образования новых эмбрионидов в одной и той же чашке Петри достигает максимума к 50 суткам культивирования, после чего несколько снижается.

Для выяснения причин вследствие чего происходит преимущественное увеличение количества эмбрионидов после 30 суток культивирования (неравномерное созревание/развитие эмбрионидов или вторичный эмбриогенез) были заложены опыты по изучению процесса вторичного эмбриогенеза на питательных средах с различной концентрацией сахарозы и добавлением регуляторов роста растений:

1) индивидуальные первичные эмбриониды на 30-е сутки культивирования были помещены в ячейку планшета 6-well Culture Plate, заполненную 1 мл питательной среды

M_{Sm} с добавлением 0,2 мг/л кинетина и 2%-ной сахарозы. Культивирование проводили на свету при 25°C и с использованием платформы-шейкер PSU-10i (Biosan) (50 качаний/минуту). Каждому эмбриониду был присвоен индивидуальный номер, и он был фотодокументирован. Через 21 дней был проведен подсчет образовавшихся в каждой лунке вторичных эмбрионидов.

2) вторичные эмбриониды одного генотипа на одинаковой стадии развития (из первого эксперимента) были помещены в ячейки планшета для культивирования (условия культивирования как в первом эксперименте) на четыре варианта питательной среды: M_{Sm} с 0,2 мг/л кинетина и 2% сахарозы; M_{Sm} с 0,2 мг/л кинетина и 13% сахарозой; M_{Sm} б/г с 13% сахарозой; M_{Sm} с 1 мг/л НУК, 1 мг/л 2,4-Д и 13% сахарозой.

В результате проведенных экспериментов было обнаружено, что при культивировании эмбрионидов более 30 суток на индукционной питательной среде происходит не только развитие индуцированных температурной обработкой эмбрионидов, образовавшихся из микроспор, но и начинается процесс вторичного эмбриогенеза. Из одного первичного эмбриоида через 30 суток культивирования может образоваться от 4 до 8 вторичных эмбрионидов, генетически идентичных первичному. Цитологические наблюдения под стереомикроскопом показали, что образование вторичных эмбрионидов происходило на поверхности первичных уже на глобулярной стадии развития, а после 30 суток культивирования – эмбриониды уже могли быть полностью покрыты вторичными эмбриоидами. Эти эмбриониды могли отделяться и развиваться уже независимо.

Вторичный эмбриогенез идет интенсивнее на среде с 2% сахарозой по сравнению со средами с 13% сахарозой. Добавление в состав питательной среды кинетина в концентрации 0,2 мг/л также достоверно увеличивает образование вторичных эмбрионидов. Количество образовавшихся эмбрионидов очень сильно варьировало (от 15 до 500 штук) и зависело от генотипа и морфологии первичного эмбриоида. Проведенный двухфакторный дисперсионный анализ показал, что и фактор генотипа (10%) и фактор питательной среды (74%), а также взаимодействие этих факторов (13%) оказывают существенное влияние на выход эмбрионидов.

В результате проведенного эксперимента было доказано, что эмбриониды моркови столовой обладают высокой эмбриогенной способностью и вторичный эмбриогенез может влиять на эффективность разработанной технологии получения удвоенных гаплоидов в культуре изолированных микроспор *in vitro*, поскольку большая часть эмбрионидов может быть генетически идентична. Для достоверного учета количества образовавшихся эмбрионидов в культуре изолированных микроспор моркови рекомендуется начиная с 30 дня культивирования пересаживать эмбриониды в отдельные пробирки или чашки Петри. Для размножения эмбрионидов за счет вторичного эмбриогенеза рекомендуется использовать жидкую питательную среду M_{Sm} с 0,2 мг/л кинетина и 2% сахарозы.

Список литературы

1. Masuda K., Kikuta Y., Okazawa Y. A revision of the medium for somatic embryogenesis in carrot suspension culture // Journal of the Faculty of Agriculture, Hokkaido University. 1981. Vol. 60, No. 3. P. 183–193.

2. Seguí-Simarro J.M., Moreno J.B., Fernández M.G., Mir R. Species with haploid or doubled haploid protocols // Doubled haploid technology. Vol. 1: General Topics, Alliaceae, Cereals. Methods in molecular biology / J.M. Seguí-Simarro (ed.). Humana Press, 2021. P. 41–103. (Methods in Molecular Biology ; vol. 2287). DOI: 10.1007/978-1-0716-1315-3

ИЗУЧЕНИЕ ФИЛОГЕНИИ *TRITICUM SINSKAJAE* ЧЕРЕЗ ПРИЗМУ ХЛОРОПЛАСТНОГО ГЕНОМА

А. Р. Кулуев*, Б. Р. Кулуев, А. В. Чемерис

Институт биохимии и генетики – обособленное структурное подразделение Уфимского федерального исследовательского центра Российской академии наук, Уфимский федеральный исследовательский центр Российской академии наук, Уфа, Республика Башкортостан, Россия, *kuluev.azat91@yandex.ru

THE STUDY OF *TRITICUM SINSKAJAE* PHYLOGENY THROUGH THE PRISM OF THE CHLOROPLAST GENOME

A. R. Kuluev*, B. R. Kuluev, A. V. Chemeris

Institute of Biochemistry and Genetics, Ufa Federal Research Centre of the Russian Academy of Sciences, Ufa Federal Research Centre of the Russian Academy of Sciences, Ufa, Republic of Bashkortostan, Russia, *kuluev.azat91@yandex.ru

Среди диплоидных видов пшениц большой интерес представляет *Triticum sinskajae* A. Filat. et Kurk. (пшеница Синской), впервые обнаруженная в начале 1970-х гг. в образцах другой диплоидной пшеницы *T. monococcum* L. (к-20970) (Филатенко, Куркиев, 1975). Этой пшенице долгое время не придавали видового статуса, либо же считали спонтанным мутантом *T. monococcum* (Куркиев, Филатенко, 2000), и она довольно редко включалась в филогенетические исследования. При филогенетических исследованиях весьма полезным может оказаться анализ хлоропластного генома пшениц. В базе данных NCBI есть полные хлоропластные геномы только двух диплоидных пшениц: *T. monococcum* и *T. urartu* Thum. ex Gandil. и частичный хлоропластный геном *T. boeoticum* Boiss., а хлоропластный геном пшеницы Синской никогда ранее не секвенировался. Поэтому мы решили провести секвенирование хлоропластного генома *T. sinskajae*, аннотировать его и сравнить с пластомами других диплоидных пшениц. NGS-секвенирование было проведено на приборе NextSeq550 компании Illumina, сборка генома производилась программой Mira 5. Аннотацию хлоропластного генома пшеницы Синской проводили через ресурсы Chloe и CPGAVAS 2. Размер хлоропластного генома составил 136885 п.н., что аналогично размеру пластома других видов пшеницевых (Gogniashvili et al., 2018; Su et al., 2020) *T. sinskajae* имеет типичную для представителей высших растений кольцевую четырехблочную структуру хлоропластного генома, которая включает в себя пару инвертированных повторов (области IRA- и IRB-inverted repeat, размерами 21547 п.н. каждый), область SSC (short single-copy region – область короткой единичной копии, размером 12809 п.н.) и область LSC (large single-copy region – область большой единичной копии, размер 80982 п.н.) (рисунок). Общая длина кодирующей последовательности составила 73226 п.н. Содержание GC-пар во всем геноме – 38,3%. У пшеницы Синской аннотировали 109 структурных генов, из которых 75 генов белок-кодирующих, 30 генов тРНК, 4 гена рРНК. По хлоропластному геному *T. sinskajae* и *T. monococcum* имеют общее и очень близкое происхождение, но пшеница Синской отличается от *T. monococcum* 48 нуклеотидами, среди которых 20 инделов, 5 транзиций и 12 трансверсий, которые были идентифицированы нами с помощью программы Megalign пакета Lasergene. Наличие делеций, вставок и замен в относительно консервативном хлоропластном геноме позволяет сделать вывод о том, что *T. sinskajae* возникла не в результате единичных спонтанных мутаций между этими двумя видами диплоидных пшениц. Вероятно, *T. sinskajae* отделилась от общей линии диплоидных пшениц или от *T. monococcum* позже других однозернянок, но все же успела накопить довольно большое количество мутаций как в ядерном, так и в хлоропластном геномах. Наличие многих замен, делеций, вставок показало также четкое отделение *T. urartu* от *T. sinskajae* и *T. monococcum*. Для сравнения,

3. Gogniashvili M., Maisaia I., Kotorashvili A., Kotaria N., Beridze T. Complete chloroplast DNA sequences of Georgian indigenous polyploid wheats (*Triticum* spp.) and B plasmon evolution // Genetic Resources and Crop Evolution. 2018. Vol. 65. P. 1995–2002. DOI: 10.1007/s10722-018-0671-0

4. Su Q., Liu L., Zhao M., Zhang C., Zhang D., Li Y., Li S. The complete chloroplast genomes of seventeen *Aegilops tauschii*: genome comparative analysis and phylogenetic inference // PeerJ. 2020. Vol. 8. e8678. P. 1-19. DOI: 10.7717/peerj.8678

ИДЕНТИФИКАЦИЯ ГЕНОВ КОРОТКОСТЕБЕЛЬНОСТИ У ОБРАЗЦОВ ЯЧМЕНЯ КОЛЛЕКЦИИ ВИР

К. А. Лукина*, О. Н. Ковалева, И. В. Поротников

Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова, Санкт-Петербург, Россия, *k.lukina@vir.nw.ru

SEMI-DWARFING GENES IDENTIFICATION IN VIR BARLEY COLLECTION ACCESSIONS

K. L. Lukina*, O. N. Kovaleva, I. V. Porotnikov

N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources, St. Petersburg, Russia, *k.lukina@vir.nw.ru

Ячмень (*Hordeum vulgare* L.) – важная продовольственная, кормовая и пивоваренная культура, отличающаяся хорошей адаптивностью к различным условиям выращивания. Одним из направлений селекции ячменя является создание устойчивых к полеганию сортов. Решение проблемы устойчивости к полеганию связывают с высотой растений. Выявление источников и доноров генов полужерновости актуально для современной селекции.

Наиболее изучены и распространены гены *sdw1/denso* (ген *HvGA20ox2*) и *uzu1* (ген *HvBRI1*), мутации в которых приводят к уменьшению высоты растения (Chono et al., 2003; Jia et al., 2009). В коллекции мировых генетических ресурсов ВИР собраны и сохраняются уникальные образцы ячменя с укороченной соломиной, однако до сих пор не установлена генетическая природа полужерновости этих образцов.

Цель данного исследования: проведение молекулярного скрининга мировой коллекции генетических ресурсов ячменя ВИР для идентификации генов короткостебельности *sdw1/denso* и *uzu1*.

Для проведения молекулярного скрининга отобрано 48 образцов ячменя. В качестве стандартов взяты сорта и почти изогенные линии, характеризующиеся наличием определенных аллелей искомым генов. Образцы отобраны по предварительным полевым данным 2021 г., характеризующееся низкорослостью (≤ 50 см). Фенотипирование образцов проводилось в соответствии с Методическими указаниями по изучению мировой коллекции ячменя и овса ВИР (Методические указания..., 2012). Идентификация аллелей короткостебельности *sdw1.d* и *uzu1.a* проведена на балк-пробах (10 растений) каждого образца. Тотальную ДНК выделяли из десятидневных проростков с использованием модифицированного метода СТАВ-экстракции, принятого в отделе биотехнологии ВИР (Антонова и др., 2020). Концентрацию и качество выделенной ДНК контролировали при помощи нанофотометра Implen N60, а также электрофорезом в 0,8% агарозном геле. Для молекулярного скрининга образцов ячменя были подобраны праймеры к аллелям *sdw1.d* (ген *HvGA20ox2*) и *uzu1.a* (ген *HvBRI1*), взятые из литературных источников (таблица).

Таблица. Праймеры для выявления аллелей короткостебельности *sdw1.d* и *uzu1.a*

Ген	Аллель	Тип маркера	Последовательность праймера 5' - 3'	Диагностический фрагмент (п.о.)	Литературные источники
<i>HvGA20ox2</i>	<i>sdw1.d</i>	CAPS	cgctgattaactgggacaca	194	Алабушев и др., 2019; Jia et al., 2009
			gttcgctcgttaggaagcag		
<i>HvBR11</i>	<i>uzu1.a</i>	dCAPS	gaaatggagaccattggcaagatca	264	Saisho et al., 2004
			agc cctgcctccagattctcatcaac		

С помощью молекулярного скрининга 48 образцов ячменя из коллекции ВИР по аллелям генов *HvGA20ox2* и *HvBR11* с привлечением внутригенных маркеров были получены следующие предварительные результаты:

1) Выделено 8 образцов по аллелю *sdw1.d* гена *HvGA20ox2*: ‘Диамант’ (к-19691, Чехословакия, var. *nutans*), ‘Franklin’ (к-30293, Австралия, var. *nutans*), ‘AF Lucius’ (к-31430, Чехия, var. *nudum*), ‘Белорусский 76’ (к-27080, Беларусь, var. *nudum*), ‘S-281’ (к-28650, Мексика, var. *himalayense*), ‘Namoi’ (к-30284, Австралия, var. *nudum*), ‘Braemar’ (к-31355, Германия, var. *nutans*), ‘Tipple’ (к-31247, Англия, var. *nutans*).

2) Выделено 5 образцов по предполагаемым аллелям *sdw1.a/sdw1.e* гена *HvGA20ox2*: ‘Yerong’ (к-30291, Австралия, var. *pallidum*), ‘Karan 3’ (к-28957, Индия, var. *coeleste*), ‘Karan 19’ (к-28961, Индия, var. *coeleste*), ‘N1060’ (к-15950, Китай, var. *coeleste*), ‘Tamalpais’ (к-31059, США, var. *coeleste*).

3) Выделено 4 образца по аллелю *uzu1.a* гена *HvBR11*: ‘Ehimehadaka N 4’ (к-21338, Япония, var. *subnudipyramidatum*), ‘Jamatohadaka’ (к-21341, Япония, var. *subnudipyramidatum*), ‘Shikokuhadaka N 3’ (к-21363, Япония, var. *brevisetum*), ‘Shinjinryoku N 1’ (к-21378, Япония, var. *brevisetum*).

Работа выполнена при финансовой поддержке проекта Минобрнауки России «Национальная сетевая коллекция генетических ресурсов растений для эффективного научно-технологического развития РФ в сфере генетических технологий» по соглашению № 075-15-2021-1050 от 28.09.2021 г.

Список литературы

1. Алабушев А.В., Донцова А.А., Филиппов Е.Г., Донцов Д.П., Перчук И.Н., Архимандритова С.Б. Влияние нуклеотидного полиморфизма гена *sdw1/denso* на изменчивость основных хозяйственно-ценных признаков озимого ячменя // Земледелие. 2019. № 8. С. 38–43. DOI: 10.24411/0044-3913-2019-10809
2. Антонова О.Ю., Клименко Н.С., Рыбаков Д.А., Фомина Н.А., Желтова В.В., Новикова Л.Ю., Гавриленко Т.А. SSR-анализ современных российских сортов картофеля с использованием ДНК номенклатурных стандартов // Биотехнология и селекция растений. 2020. Т. 3, № 4. С. 77–96. DOI: 10.30901/2658-6266-2020-4-02
3. Методические указания по изучению и сохранению мировой коллекции ячменя и овса / [составители: И.Г. Лоскутов, О.Н. Ковалева, Е.В. Блинова]. Изд. 4-е, доп. и перераб. Санкт-Петербург: ВИР, 2012. 63 с.
4. Chono M., Honda I., Zeniya H., Yoneyama K., Saisho D., Takeda K., Takatsuto S., Hoshino T., Watanabe Y. A semi-dwarf phenotype of barley uzu results from a nucleotide substitution in the gene encoding a putative brassinosteroid receptor // Plant Physiology. 2003. Vol. 133, No. 3. P. 1209–1219. DOI:10.1104/pp.103.026195

5. Jia Q., Zhang J., Westcott S., Zhang X.Q., Bellgard M., Lance R., Li C. GA-20 oxidase as a candidate for the semidwarf gene *sdw1/denso* in barley // Functional & integrative genomics. 2009. Vol. 9, No. 2. P. 255–262. DOI: 10.1007/s10142-009-0120-4

6. Saisho D., Tanno K.I., Chono M., Honda I., Kitano H., Takeda K. Spontaneous brassinolide-insensitive barley mutants ‘uzu’ adapted to East Asia // Breeding science. 2004. Vol. 54, No. 4. P. 409–416. DOI: 10.1270/jsbbs.54.409

7. Xu Y., Jia Q., Zhou G., Zhang X.Q., Angessa T., Broughton S., Yan G., Zhang W., Li C. Characterization of the *sdw1* semi-dwarf gene in barley // BMC Plant Biology. 2017. Vol. 17, No. 1. P. 1–10. DOI: 10.1186/s12870-016-0964-4

ИЗУЧЕНИЕ ГЕНЕТИЧЕСКИХ КОЛЛЕКЦИЙ ОЗИМОЙ РЖИ И ТРИТИКАЛЕ ПО УСТОЙЧИВОСТИ К АБИОТИЧЕСКИМ СТРЕССАМ

Г. С. Маннапова, С. Н. Пономарев, М. Л. Пономарева, Д. Д. Сайфутдинова*

Татарский научно-исследовательский институт сельского хозяйства ФИЦ КазНЦ РАН,
Казанский научный центр Российской академии наук, Казань, Республика Татарстан,
Россия, *sayfut2009@gmail.com

RESEARCH OF WINTER RYE AND TRITICALE GENETIC COLLECTIONS FOR RESISTANCE TO ABIOTIC STRESSES

G. S. Mannapova, S. N. Ponomarev, M. L. Ponomareva, D. D. Sayfutdinova*

Tatar Scientific Research Institute of Agriculture KazSC RAS, Kazan Scientific Center of
Russian Academy of Sciences, Kazan, Tatarstan, Russia, *sayfut2009@gmail.com

Задачи, стоящие перед селекцией в наши дни, существенно усложнились. Возрастающие потребности населения, новые технологии переработки, новые вызовы времени (изменение климата, глобальные перемены, урбанизация, загрязнение окружающей среды) постоянно поднимают уровень требований к создаваемым сортам и к генетическим ресурсам, на базе которых они выводятся. Наряду с продуктивными и адаптированными к условиям конкретных регионов необходимо создавать сорта, обеспечивающие функциональную ценность получаемых из них продуктов питания и/или кормов, пригодные для употребления в качестве профилактических и диетических продуктов, то есть, в целом способствующих повышению качества жизни.

Диверсификация использования генофонда растений, основанная, в том числе на раскрытии его ранее неиспользуемых свойств, стала насущным требованием времени. Озимая тритикале и озимая рожь являются ценными кормовыми и продовольственными культурами для Республики Татарстан. В годы с аномальными погодными условиями (суровые зимы, летние засухи) они отличаются более высокой урожайностью по сравнению с озимой пшеницей. В настоящее время сфера применения зерна ржи и тритикале в РФ распространяется на производство хлеба, хлебобулочных и кондитерских изделий, комбикормов и спирта. Менее развитыми направлениями применения этих культур является зеленоукосное и сидеральное использование, а также глубокая переработка зерна.

От метеоусловий конкретного года зависит значительная часть реализации потенциала продуктивности зерновых культур. Проведенный нами расчет климатической составляющей изменчивости урожайности показал, что у озимой тритикале она составляет 54,7%, а у ржи –29,7%. Это говорит о необходимости оценки генетических ресурсов, используемых в качестве исходного материала, на устойчивость к биотическим и абиотическим стрессам. В Республике Татарстан наиболее критическими из лимитирующих факторов среды,

действие которых все чаще и сильнее проявляется в регионе, являются засуха и зимний стресс (поражение растений морозом и снежной плесенью). Особенно опасно сочетание двух неблагоприятных факторов, что наглядно проявилось в РТ в 2010 г. (мороз + засуха), 2019 (снежная плесень + засуха), 2021 (осенняя засуха + весенняя засуха).

В результате изучения биоресурсной коллекции озимых культур, состоящей из 200 образцов озимой ржи и тритикале из 30 стран мира, выделены 12 засухоустойчивых сортообразцов ржи и 21 озимой тритикале, представленные в таблице.

Для селекции на высокую зимостойкость перспективу представляют 23 образца озимой ржи и 12 озимой тритикале, представленные в биоресурсной коллекции. Выделенные образцы имеют огромный потенциал, как для геномных технологий, так и для прикладных исследований.

Таблица. Источники высокой зимостойкости и засухоустойчивости озимой ржи и озимой тритикале

Культура	Источники
Засухоустойчивость	
Озимая рожь	Зилант, Карстен 2, Орловская 9-2, Саратовская 7, Кондакт, Янтарная, Илим, Харьковская 60, Нина 3, Чишминская 3-2, Ясельда, Ирина
Озимая тритикале	Капелла, Бета, Торнадо, Таза, Михась, Ясь, Прометей, Эра, Witon, SW Falmogo, SW Algallo, KS 88 T 142, Илия, Арктур, Форте, Георг, Nord, Kortego, Импульс, Светлица
Зимостойкость	
Озимая рожь	Радонь, Огонек, Роксана, Синильга, Ольга, Грань, Adag, Ирина, Карстен 2, Малко, Зарница, Талисман, Юбилейная 25, Сибирская 87, Влада, Память Попова, Славия, Таловская 44, Орловская 9-2, Державинская 50, Нива, Jana, Rico Ugugwai
Озимая тритикале	Башкирская короткостебельная, Трибун, Зимогор, Консул, Алмаз, Сколот, Атаман Платов, Святозар, Сибирский, Цекад 90, Алтайский 5, Кристалл

ИНФОРМАЦИОННЫЙ РЕСУРС КОЛЛЕКЦИИ ОЗИМОЙ МЯГКОЙ ПШЕНИЦЫ ВИР ДЛЯ ВНЕДРЕНИЯ ЦИФРОВЫХ ТЕХНОЛОГИЙ И РАЗВИТИЯ 5Gs

О. П. Митрофанова, А. Г. Хакимова, А. В. Дементьев

Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова, Санкт-Петербург, Россия, o.mitrofanova@vir.nw.ru

INFORMATION RESOURCE OF THE VIR WINTER BREAD WHEAT COLLECTION FOR THE IMPLEMENTATION OF DIGITAL TECHNOLOGIES AND THE DEVELOPMENT OF 5Gs

O. P. Mitrofanova, A. G. Khakimova, A. V. Dementiev

N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources, St. Petersburg, o.mitrofanova@vir.nw.ru

В настоящее время информационные ресурсы рассматриваются в качестве стратегических. Формирование коллекции озимой мягкой пшеницы ВИР неразрывно связано со сбором и получением документированной научной информации о включенных в нее образцах. Более чем за 100-летний период формирования, в ней представлены образцы различного биологического статуса: староместные сорта, собранные в Российской Империи (1904–1917 гг.) и по всему миру; старые и современные селекционные сорта и линии из

СССР (1922–1991 гг.), России (1991 г. – по настоящее время), различных зарубежных стран, а также генетические линии, константные межвидовые и межродовые гибриды и другой материал. О собранных образцах накопился большой объем информации, которая существует как в традиционной (бумажной) форме (документы, научные статьи, каталоги), так и в электронном виде (разного типа базы данных, БД). Цель настоящего сообщения – на примере коллекции озимой мягкой пшеницы ВИР рассмотреть блоки накопленных данных, какие представляются значимыми для оптимизации работы с образцами коллекции и реализации 5Gs стратегии (Varshney et al., 2019) в России, направленной на ускорение и повышение эффективности селекции этой культуры с использованием молекулярных технологий.

Управление *ex situ* коллекцией генетических ресурсов озимой мягкой пшеницы ВИР – многоплановая работа, связанная не только с пополнением, изучением, хранением образцов, предоставлением их пользователям, но и координацией исследований, проводимых отделом ГР пшеницы с другими отделами и филиалами ВИР, различными селекционными и образовательными учреждениями. Все работы сопровождаются составлением различных типов списков. Автоматизация мониторинга движения образцов, создания и редактирования списков могла бы значительно ускорить и облегчить рутинные операции с коллекцией.

Для обеспечения целенаправленного пополнения и надежного сохранения коллекции озимой мягкой пшеницы ВИР в программе Paradox 9 созданы паспортная БД и БД по хранению, которые ежегодно пополняются и редактируются. На 01.11.2021 каждая из них содержит сведения о 15597 образцах из 70 стран мира. Паспортная БД имеет 44 поля, которые можно объединить в блоки «паспортный», «таксономический», «вспомогательный». Для 3828 староместных образцов описаны места сбора и определены их координаты (географические долгота и широта). БД по хранению содержит 30 полей, из них девять – паспортные, в остальных – информация о поддержании жизнеспособности семян образцов и закладке их на длительное и оперативное хранение.

В мире с развитием молекулярных технологий, основанных на выявлении ассоциаций между ДНК-маркерами и фенотипом растения, первостепенную значимость приобрели работы по характеристике сохраняемых в коллекции образцов по разным хозяйственно ценным признакам. Многолетние результаты полевой и лабораторной оценки образцов озимой мягкой пшеницы обобщены в многочисленных опубликованных «Каталогах мировой коллекции ВИР» (1964–2020) разной тематической направленности (признаки продуктивности, устойчивость к абиотическим стрессорам и наиболее вредоносным болезням, содержание белка и лизина в зерне, показатели технологической оценки качества зерна образцов). Такого рода информация об образцах ежегодно поступает также из отчетов опытных станций-филиалов ВИР, селекционных учреждений, в которые направляются образцы для изучения и пополнения их рабочих коллекций. На основании полученных данных созданы многочисленные описательные и оценочные электронные базы данных в программе Microsoft Excel.

Дополнительные сведения о генетическом разнообразии образцов озимой мягкой пшеницы, их однородности или гетерогенности, структуре представленного в коллекции генетического разнообразия дают исследования с использованием белковых и ДНК-маркеров. Так, в совместных работах с отделом биохимии и молекулярной биологии ВИР запасной белок зерновки глиадин как маркер использован для оценки подлинности и регистрации образцов староместных и селекционных сортов, перспективных селекционных линий, синтетической гексаплоидной пшеницы, сортов с высоким и повышенным содержанием белка в зерне. Посредством RAPD-, AFLP- и SSR-маркеров изучено разнообразие образцов гексаплоидной пшеницы, относящейся к разным агроэкологическим группам (Вавилов, 1957), и подтверждена их генетическая дифференциация, сопряженная с адаптацией к условиям мест сбора (Митрофанова и др., 2009). ДНК-маркеры использованы для оценки больших выборок образцов озимой

и факультативной мягкой пшеницы по аллелям *Vrn*- и *Ppd*-генов. Благодаря сотрудничеству с Всероссийским институтом защиты растений охарактеризованы источники устойчивости к стеблевой и бурой ржавчинам по аллелям *Sr*- и *Lr*-генам. Полученные результаты находятся или на бумажном носителе, или существуют в виде отдельных БД.

На основе анализа мировой литературы (число ссылок – 4156) и других информационных источников сотрудниками отдела ГР пшеницы ВИР С. П. Мартыновым и Т. В. Добротворской создана информационно-аналитическая система GRIS, которая содержит сведения о 171 тыс. сортов и линий, из них с известной родословной – 145 тыс. и с идентифицированными аллелями генов – 46170 (<http://www.wheatpedigree.net/>). В этой системе приведены сведения и об образцах коллекции ВИР. Система GRIS доступна широкому кругу пользователей, предназначена для обслуживания селекционных программ и генетических исследований по пшенице.

В настоящее время для повышения эффективности управления коллекцией озимой мягкой пшеницы ВИР на основе накопленной о каждом образце информации, возникла настоятельная необходимость перевода бумажных архивов данных в электронную форму, создания единого информационного ресурса по образцам коллекции, открытого для справочно-информационного обслуживания пользователей.

Список литературы

1. Вавилов Н.И. Мировые ресурсы сортов хлебных злаков, зерновых бобовых, льна и их использование в селекции. [Т. 1]. Опыт агроэкологического обозрения важнейших полевых культур. Москва; Ленинград, 1957. 462 с.

2. Митрофанова О.П., Стрельченко П.П., Конарев А.В., Балфорьер Ф. Генетическая дифференциация гексаплоидной пшеницы по данным анализа микросателлитных локусов // Генетика. 2009. Т. 45, № 11. С. 1–10.

3. Varshney R.K., Sinha P., Singh V., Kumar A., Zhang Q., Bennetzen J. 5Gs for crop genetic improvement // Current Opinion in Plant Biology. 2020. Vol. 56. P. 190–196. DOI: 10.1016/j.pbi.2019.12.004

РЕСЕКВЕНИРОВАНИЕ АЛЛЕЛЕЙ КЛЮЧЕВЫХ ГЕНОВ БИОСИНТЕЗА БЕТАЛАИНОВ У СВЕКЛЫ СТОЛОВОЙ (*BETA VULGARIS L.*) КОЛЛЕКЦИИ ВИР

А. С. Михайлова^{*1,2}, Д. В. Соколова¹, В. С. Попов¹, Н. А. Швачко¹

¹Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова, Санкт-Петербург, Россия, *a.mikhailova@vir.nw.ru

²Санкт-Петербургский государственный университет, Санкт-Петербург, Россия

THE KEY BETALAIN CODING GENES IN TABLE BEET (*BETA VULGARIS L.*) FROM THE VIR COLLECTION

A. S. Mikhailova^{1,2}, D. V. Sokolova¹, V. S. Popov¹, N. A. Shvachko¹

¹N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources, St. Petersburg, Russia, *a.mikhailova@vir.nw.ru

²St. Petersburg State University, St. Petersburg, Russia

Беталаины – природные пигменты растительного происхождения, которые являются отличной альтернативой искусственно синтезированным красителям для пищевой промышленности. Свекла столовая (*Beta vulgaris L.*) признана рекордсменом по

содержанию данных пигментов. На основании имеющихся в коллекции ВИР образцов свеклы, контрастных по признаку окраски мякоти, была сформирована репрезентативная выборка, в рамках которой проведен биохимический анализ по определению концентрации беталаинов в кожуре и мякоти в динамике в течение периода вегетации (Sokolova et al., 2022). Впервые показано, что в процессе вегетации существенной аккумуляции беталаинов в корнеплодах не происходит, однако обнаружены значительные колебания накопления пигментов, сопряженные с абиотическими факторами среды. Скрининг аллельных различий ключевых генов биосинтеза беталаинов у образцов рассматриваемой выборки позволит выбрать гены-мишени для редактирования с целью получения линий нетрансгенной свеклы, отвечающей требованиям пищевой промышленности.

Как известно, тирозин является предшественником в биосинтезе беталаиновых пигментов. Гены *CYP76AD1*, *CYP76AD5*, *CYP76AD6* семейства цитохром P450, кодируют ферменты, осуществляющие гидроксирование тирозина с образованием 3,4-дигидрокси-L-фенилаланина (L-DOPA). Кроме того, продукт гена *CYP76AD1* вовлечен в циклизацию L-DOPA до 5,6-дигидроксииндолин-2-карбоновой кислоты (*cyclo*-DOPA) у свеклы с красной окраской корнеплода. *BvDODA1* осуществляет превращение L-DOPA в беталамовую кислоту. Регуляторный ген семейства *R2R3-Myb*, *BvMYB1*, является позитивным регулятором биосинтеза беталаинов, активируя транскрипцию *CYP76AD1* и *BvDODA1* путем связывания непосредственно с их промоторной последовательностью.

Ранее сообщалось, что продукты, кодируемые генами в локусах *R* и *Y*, ответственны за накопление беталаинов у свеклы и определяют цвет корнеплода (красный, желтый или белый). На этих локусах были картированы *CYP76AD1*, *DODA* и *BvMYB1*. Интерес представляют и другие гены семейства цитохром P450, поскольку путем вариации активности ферментов α -клады (*CYP76AD1*) и β -клады (*CYP76AD5*, *CYP76AD6*), возможно контролировать проявление желтого или красного оттенка растительных тканей (Polturak et al., 2017).

В геноме свеклы столовой *Beta vulgaris* ($2n = 18$) в ходе поиска по гомологии на основании ранее аннотированной последовательности гена *CYP76AD5* (GenBank: KM592961), размещенной в базе данных NCBI (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov>), с помощью алгоритма BLASTN найдены высокогомологичные копии (E-value = 0), расположенные тандемно на 9 хромосоме (Phytozome (<https://phytozome-next.jgi.doe.gov/>): EL10Ac9g22160, EL10Ac9g22161, EL10Ac9g22162). Ген *CYP76AD6* обнаружен на 9 хромосоме (GenBank: KT962274; Phytozome: EL10Ac9g22144). Остальные гены: *CYP76AD1* (GenBank: HQ656023), *BvDODA1* (GenBank: HQ656027; Phytozome: EL10Ac2g04269) и *BvMYB1* (GenBank: JF432080; 2 копии в базе данных Phytozome: EL10Ac2g04465 - EL10Ac2g04466, EL10Ac2g04153) локализованы на 2 хромосоме. Для выявленных в ходе *in silico* анализа ключевых генов сконструированы праймеры для ресеквенирования аллелей генов биосинтеза беталаинов у образцов, контрастных по признаку окраски корнеплода методом Сэнгера. Аллельные различия по гену *CYP76AD6* выявлены у образцов со светлоокрашенной мякотью (к-1967, 'Кубанская борщевая'), белой (линия 1, 'Снежок') и темно-бордовой (к-3151, 'Бордо односемянная') (рисунок). Образец с мякотью белого цвета (к-3881, 'Аваланч'), предположительно, рецессивен по гену *CYP76AD1*.

Полученные результаты позволят в дальнейшем разработать конструкции для редактирования генов-мишеней, участвующих в биосинтезе беталаинов, с целью создания новых линий нетрансгенной столовой свеклы, отвечающих требованиям современной пищевой промышленности.

Работа выполнена при финансовой поддержке проекта РФН № 21-66-00012 «Создание с использованием генетических технологий и изучение новых линий растений, адаптированных к меняющимся условиям окружающей среды, обладающих повышенной продуктивностью и диетической ценностью».

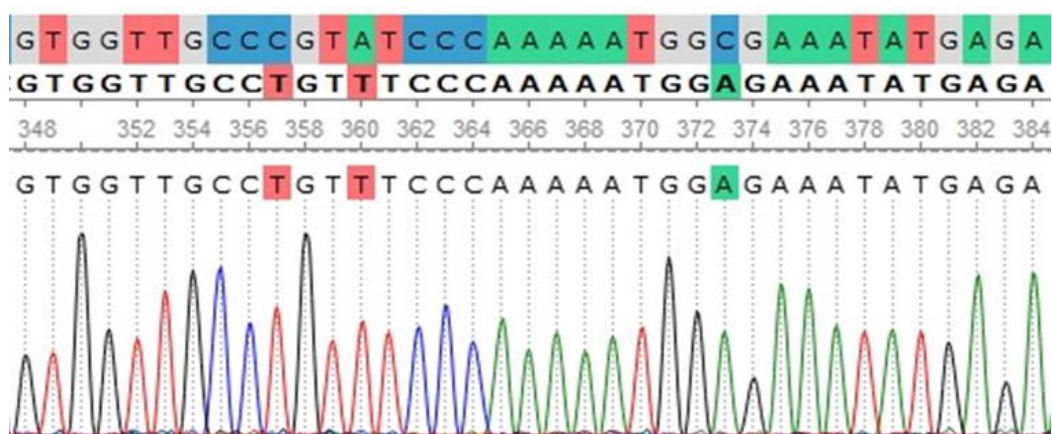


Рисунок. Секвенограмма последовательности гена *CYP76AD6* у образца со светлоокрашенной мякотью (к-1967, 'Кубанская боршевая').

Список литературы

1. Polturak G., Grossman N., Vela-Corcia D., Dong Y., Nudel A., Pliner M., Aharoni A. Engineered gray mold resistance, antioxidant capacity, and pigmentation in betalain-producing crops and ornamentals // *Proceedings of the National Academy of Sciences*. 2017. Vol. 114, No. 34. P. 9062–9067. DOI: 10.1073/pnas.1707176114
2. Sokolova D.V., Shvachko N.A., Mikhailova A.S., Popov V.S. Betalain Content and Morphological Characteristics of Table Beet Accessions: Their Interplay with Abiotic Factors // *Agronomy*. 2022. Vol. 12, No. 5. Article ID: 1033. DOI: 10.3390/agronomy12051033

АНАЛИЗ ОБРАЗЦОВ ИЗ САРАТОВСКОЙ КОЛЛЕКЦИИ КУКУРУЗЫ ПО ГЕНАМ И БЕЛКАМ, СВЯЗАННЫХ С АВТОНОМНЫМ ЭМБРИО-, ЭНДОСПЕРМОГЕНЕЗОМ

Е. М. Моисеева¹, Ю. С. Гусев¹, О. В. Гуторова^{1,2}, М. И. Чумаков*¹

¹Институт биохимии и физиологии растений и микроорганизмов, Саратовский научный центр Российской академии наук, Саратов, Россия, *chumakov_m@ibppm.ru

²Саратовский национальный исследовательский государственный университет им. Н.Г. Чернышевского, Саратов, Россия

ANALYSIS OF ACCESSIONS FROM THE SARATOV MAIZE COLLECTION FOR THE GENES AND PROTEINS ASSOCIATED WITH POLLINATION-FREE EMBRYO-ENDOSPERMOGENESIS

E. M. Moiseeva¹, Y. S. Gusev¹, O. V. Gutorova^{1,2}, M. I. Chumakov*¹

¹Institute of Biochemistry and Physiology of Plants and Microorganisms, Saratov Scientific Centre of the Russian Academy of Sciences, Saratov, Russia, *chumakov_m@ibppm.ru

²Saratov National Research State University named after N.G. Chernyshevsky, Saratov, Russia.

Исследована коллекция образцов кукурузы, созданная в 1970–2020 гг. селекционерами Саратовского университета. В частности, линии-гаплоиндукторы и партеногенетические линии с нарушениями эмбрио- и эндоспермогенеза (Тырнов, Еналеева, 1983).

Представлен анализ возможных механизмов гиногенеза у кукурузы (Чумаков, Мазилев, 2022).

Впервые секвенированы нуклеотидные последовательности шести генов, кодирующих хроматин-модифицирующих белки, двух генов, кодирующих начало развития эндосперма у трех партеногенетических линий кукурузы саратовской селекции, и охарактеризован их полиморфизм.

Представлены данные по количественной экспрессии восьми генов в мужских и женских генеративных тканях партеногенетической кукурузы до и после опыления (Volokhina et al., 2020, 2021).

Впервые секвенированы нуклеотидные последовательности четырех генов, кодирующих белки, реализующих взаимодействия гамет у двух гаплоиндуцирующих и двух обычных линий кукурузы саратовской селекции.

Представлены данные по количественной экспрессии двух генов в мужских и женских генеративных тканях гаплоиндуцирующих линий кукурузы до и после опыления.

Впервые получены трехмерные модели двух типов белков, участвующих в контакте мембран гамет, и обсуждается связь их структуры с возможными функциями.

Исследованы безопасные условия контролируемого распространения генетического материала кукурузы с пылью в условиях полевых экспериментов при совместном выращивании различных сортов (Гусев и др., 2020, Гусев и др., 2021).

Исследована коллекция образцов коммерческих сортов и линий кукурузы Института сорго и кукурузы (Саратов) на наличие генетически-модифицированных растений в образцах кукурузы местной селекции, созданных путем традиционной селекции с использованием американских и европейских сортов.

Список литературы

1. Гусев Ю.С., Волохина И.В., Моисеева Е.М., Гуторова О.В., Чумаков М.И. Анализ распространения генетического материала маркированных линий кукурузы с пылью при совместном выращивании с обычными сортами // Генетика. 2020. Т. 5, № 10. С. 1196–1199. DOI: 10.31857/S0016675820090088

2. Гусев Ю.С., Гуторова О.В., Чумаков М.И. Барьер из высокорослой кукурузы предотвращает перенос пыльцы кукурузы в смешанных посевах // Экологическая генетика. 2021. Т. 19, № 4. С. 313–322. DOI: 10.17816/ecogen78085

3. Тырнов В.С., Еналеева Н.Х. Автономное развитие зародыша и эндосперма у кукурузы // Доклады АН СССР. 1983. Т. 272, № 3. С. 722–725.

1. Чумаков М.И., Мазилев С. И. Генетический контроль гиногенеза у кукурузы (обзор) // Генетика. 2022. Т. 58, № 4. С. 388–397. DOI: 10.31857/S001667582204004X

2. Volokhina I., Gusev Y., Moiseeva Y., Fadeev V., Kolesova A., Gutorova O., Chumakov M. Expression of genes coding for chromatin-modifying enzymes maize embryo sacs before and after pollination // Plant Gene. 2020. Vol. 22. Article ID: 100221. DOI: 10.1016/j.plgene.2020.100221

3. Volokhina I., Gusev Y., Moiseeva Y., Gutorova O., Fadeev V., Chumakov M. Gene expression in parthenogenic maize proembryos // Plants. 2021. Vol. 10, No. 5. Article ID: 964. DOI: 10.3390/plants10050964

ИЗУЧЕНИЕ РОЛИ ГЕНА *ARGOS-LIKE* В РЕГУЛЯЦИИ СТРЕССОУСТОЙЧИВОСТИ В ВОЛОСОВИДНЫХ КОРНЯХ ТАБАКА

Х. Г. Мусин*¹, Р. А. Тазетдинов², Г. Р. Гумерова¹, Э. А. Баймухаметова¹, Б. Р. Кулуев¹

¹Институт биохимии и генетики – обособленное структурное подразделение Уфимского федерального исследовательского центра Российской академии наук, Уфимский федеральный исследовательский центр Российской академии наук, Уфа, Республика Башкортостан, Россия, *mg@khalit.ru

²Башкирский государственный университет, Уфа, Россия.

STUDY THE ROLE OF THE *ARGOS-LIKE* GENE IN THE REGULATION OF STRESS TOLERANCE IN HAIRY ROOTS OF TOBACCO

K. G. Musin*¹, R. A. Tazetdinov², G. R. Gumerova¹, E. A. Baimukhametova, B. R. Kuluev¹

¹Institute of Biochemistry and Genetics - Subdivision of the Ufa Federal Research Centre of the Russian Academy of Sciences, Ufa Federal Research Centre of the Russian Academy of Sciences, Ufa, Republic of Bashkortostan, Russia, *mg@khalit.ru

²Bashkir State University, Ufa, Russia

Гены семейства *ARGOS* у растений играют важную роль в контроле размера органов, а также участвуют в регуляции роста растений при действии стрессовых факторов. Механизмы стрессоустойчивости растений с конститутивной экспрессией генов *ARGOS* остаются малоизученными. Гены семейства *ARGOS* часто рассматриваются как подходящие мишени для повышения продуктивности и стрессоустойчивости растений (Shi et al., 2017). Экспрессия гомологов гена *ARGOS*, как в гомологичных, так и в гетерологичных условиях способствовала значительному увеличению размера органов трансгенных растений. Белки, кодируемые этими генами, участвуют в регуляции роста растений, влияя как на деление клеток, так и на рост клеток растяжением.

Волосовидные (бородатые) корни (ВК) растений (hairy roots) могут быть использованы в качестве модельного объекта для исследования функций генов, поскольку эти корни сохраняют многие морфофизиологические особенности, характерные для нативных корней. Исходя из этого, нами была поставлена цель исследовать роль гена *ARGOS-LIKE* в регуляции роста и стрессоустойчивости на примере волосовидных корней, содержащих данный трансген. После агробактериальной трансформации листовых дисков трансгенных растений табака было получено 276 линий ВК *DMVPr::ARGOS-LIKE*, где *DMV* – это конститутивный промотор вируса мозаики георгина. Полученные корни прошли селективный отбор на среде с гигромицином в течение 60 дней. Отбирали такие культуры, которые не имели обнаруживаемых визуально морфологических патологий. По результатам ПЦР-анализа, все отобранные культуры корней имели генетическую конструкцию, содержащую *DMVPr::ARGOS-LIKE*, а также включали гены *rolA* и *rolB*. По результатам полуколичественной ОТ-ПЦР было отобрано 3 линии ВК (впоследствии получившие номера *ARL2*, *ARL6*, *ARL7*) с наиболее высоким уровнем содержания транскриптов гена *ARGOS-LIKE*. ВК табака конститутивно экспрессирующие ген *ARGOS-LIKE* имели более короткую лаг-фазу при пересадке культур на новую среду (рисунок, а) (а значит большим адаптационным потенциалом), обладали повышенной устойчивостью к засолению, высоким температурам и загрязнению среды кадмием (рисунок, б). Показано, что позитивные эффекты продукта гена *ARGOS-LIKE* на стрессоустойчивость реализуются не только через влияние на пролиферацию и рост клеток (рисунок, в), но и через влияние на антиоксидантную систему. Данный механизм связан, в первую очередь, с увеличением в клетках пула восстановленного глутатиона и частично с увеличением содержания пролина и повышением аскорбатпероксидазной активности. Связаны ли эти особенности трансгенных ВК с прямым или косвенным действием продукта гена *ARGOS-LIKE* остается

пока неизвестным. Полученные нами результаты говорят о перспективности использования гена *ARGOS-LIKE* в качестве целевого для получения высокопродуктивных и стрессоустойчивых культур ВК и трансгенных растений. К тому же в стрессовых условиях у трансгенных ВК увеличилось накопление белков по сравнению с контрольными ВК, что так же может быть полезным в биотехнологии растений.

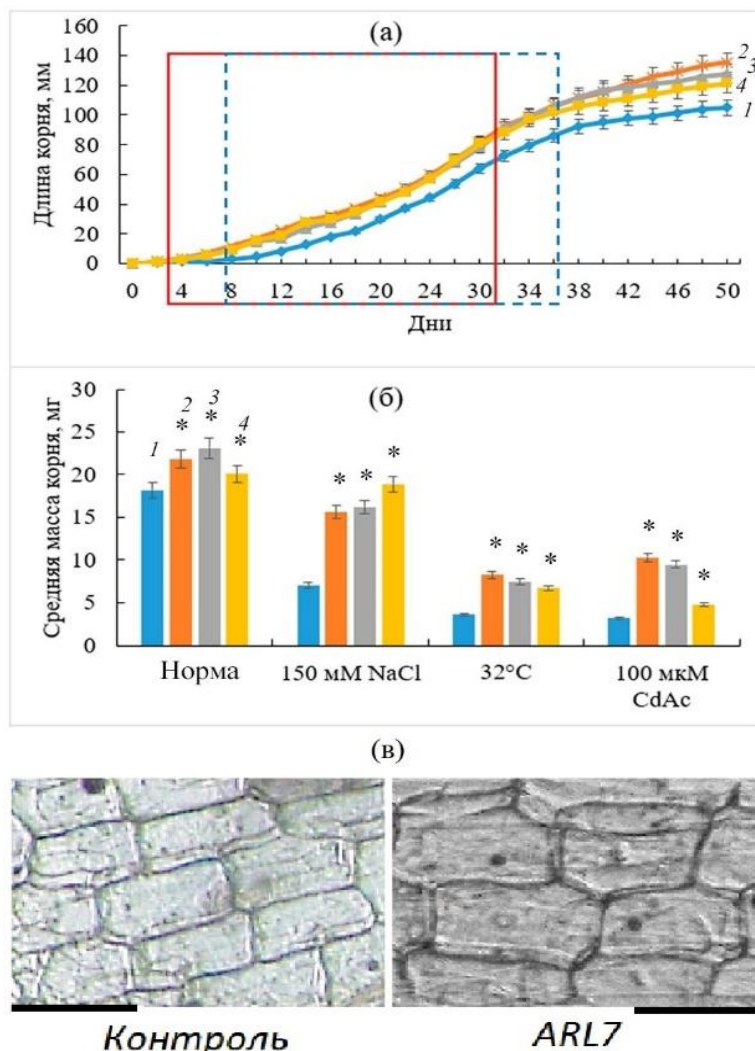


Рисунок. Морфофизиологические характеристики и микрофотографии ВК:
 (а) – рост ВК табака в стандартных условиях; сплошной линией для ARL2-7 и пунктирной – для контрольных ВК выделена область, указывающая на фазу экспоненциального роста корней;
 1 – контрольная и 2–4 – трансгенные линии ВК (ARL2, ARL6, ARL7, соответственно).
 (б) – Сырая масса ВК при нормальных и стрессовых условиях. Звездочки (*) указывают на достоверное различие данных между трансгенным и контрольным линиями ВК ($P \leq 0.05$);
 (в) – микрофотографии ВК, растущих при нормальных условиях.
 Масштаб = 100 мкм

Список литературы

1. Shi J., Gao H., Wang H., Lafitte H.R., Archibald R.L., Yang M., Hakimi S.M., Mo H., Habben J.E. *ARGOS8* variants generated by CRISPR-Cas9 improve maize grain yield under field drought stress conditions // Plant biotechnology journal. 2017. Vol. 15. P. 207–216. DOI: 10.1111/pbi.12603

ИЗУЧЕНИЕ ГЕНЕТИЧЕСКИХ РЕСУРСОВ ДОНСКИХ АБОРИГЕННЫХ СОРТОВ ВИНОГРАДА НА КОЛЛЕКЦИИ В НИЖНЕМ ПРИДОНЬЕ

Л. Г. Наумова*, В. А. Ганич

Всероссийский научно-исследовательский институт виноградарства и виноделия имени Я.И. Потапенко, Федеральный Ростовский аграрный научный центр, Новочеркасск, Россия,
LGnaumova@yandex.ru

STUDYING THE GENETIC RESOURCES OF THE DON NATIVE GRAPE VARIETIES IN THE COLLECTION IN THE LOWER DON

L. G. Naumova*, V. A. Ganich

All-Russian Research Ya.I. Potapenko Institute for Viticulture and Winemaking, Federal Rostov
Agricultural Research Center, Novocherkassk, Russia, LGnaumova@yandex.ru

В настоящее время в мире возрос интерес к изучению местных сортов винограда. Для сохранения генофонда рода *Vitis* во многих странах мира основной задачей является сохранение местных (стародавних, аборигенных) сортов, которые являются важной (исключительной) частью природного наследия этой страны (Ампелография аборигенных..., 2018; Pelengic, Koruza, 2012; Li et al., 2015). Обновление и совершенствование сортимента винограда является непрерывным и естественным эволюционным процессом. На нынешнем этапе особое внимание производителей и селекционеров нашей страны стали привлекать местные аборигенные сорта винограда (Ганич, Наумова, 2021; Maul et al., 2015).

Цель исследований – изучение агробиологических, увологических и технологических показателей аборигенных донских сортов винограда на ампелографической коллекции в Нижнем Придони (в регионе происхождения).

Исследования проводились в 2015–2021 гг. на Донской ампелографической коллекции имени Я.И. Потапенко (г. Новочеркасск, Россия). Изучали 10 аборигенных донских сортов винограда, в том числе контрольные – ‘Сибирьковский’ и ‘Красностоп золотовский’ (включенные в Госреестр селекционных достижений РФ с 1959 г.). Кусты привиты на подвой Кобер 5ББ, культура укрывная, схема посадки кустов 3,0 × 1,5 м. Изучение проводили по общепринятым в виноградарстве методикам и ГОСТам. Образцы вин готовили по классической технологии приготовления сухих вин, оценка проведена по 10-балльной шкале на закрытых научных дегустациях (проходной балл – 8,2).

Цель исследований – выделить среди изучаемых аборигенных донских сортов образцы урожайные и перспективные для качественного виноделия.

В настоящее время на коллекции проводятся наблюдения и учеты за 42 аборигенными донскими сортами винограда, различного направления использования и сроков созревания. По результатам проведенных исследований выделены как перспективные по качеству винодельческой продукции и урожайности 8 сортов.

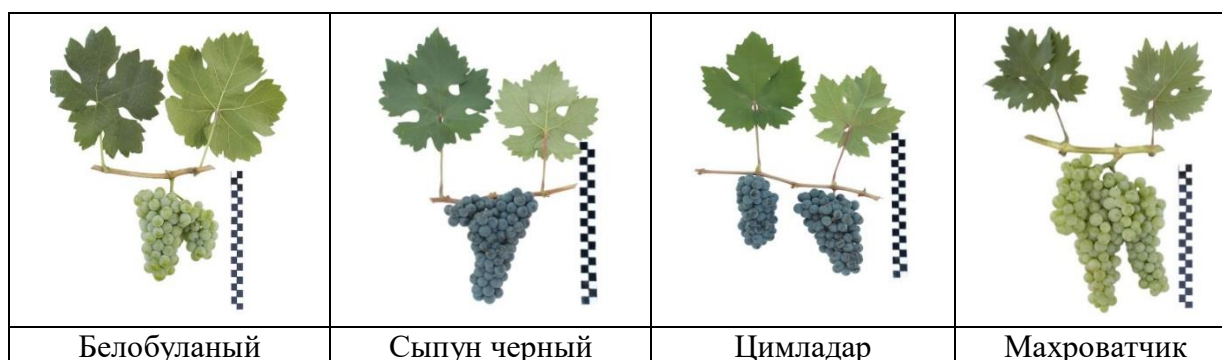
Оценивая перезимовку кустов в укрывной культуре, отмечаем, что все изучаемые сорта имели высокий процент распутившихся почек (от 60 до 80%), самый высокий – у сорта ‘Сыпун черный’ (83,5%). Количество плодоносных побегов находилось в пределах от 51% (‘Кумшацкий белый’) до 79% (‘Дурман’). По средней массе грозди среди белоягодных сортов уступали контрольному сорту ‘Сибирьковский’ (189 г) 2 сорта с функционально женским типом цветка – ‘Дурман’ (169 г) и ‘Мушкетный’ (175 г), все остальные изучаемые сорта (включая группу сортов с окрашенной ягодой) превосходили контрольные сорта. Одним из главных хозяйственно ценных показателей является урожайность сорта, ниже, чем у контроля ‘Сибирьковский’ (88 ц/га) была урожайность у сорта ‘Дурман’ (85 ц/га) (таблица). Все остальные изучаемые сорта имели урожайность выше, чем у контрольных сортов. Качество сырья всех сортов соответствовало требованиям

ГОСТ, самая высокая сахаристость сока ягод среди окрашенных сортов была у контрольного сорта ‘Красностоп золотовский’ (25,9 г/100 см³), среди белоягодных – у сортов ‘Дурман’ и ‘Кумшацкий белый’ (20,4 и 20,3 г/100 см³ соответственно).

Таблица. Агробиологические показатели и кондиции изучаемых сортов, 2015–2021 гг.

Название сорта	Плодоносных побегов, %	Средняя масса грозди, г	Расчетная урожайность ц/га	Массовая концентрация	
				сахаров, г/100 см ³	титруемых кислот, г/дм ³
Сорта с белой ягодой					
Белобуланый	66	274	115	18,2	7,2
Бессергеновский № 10	68	237	110	19,8	7,8
Дурман	79	169	85	20,4	6,8
Кумшацкий белый	51	402	100	20,3	6,4
Махроватчик	63	262	115	17,9	7,7
Мушкетный	57	175	90	18,9	7,4
Сибирьковский (к)	65	189	88	19,5	7,2
Сорта с окрашенной ягодой					
Сыпун черный	65	151	95	22,4	6,5
Цимладар	53	221	98	22,4	7,2
Красностоп золотовский (к)	67	138	79	25,9	7,9

Заключительным этапом сортоизучения является органолептическая оценка вина. Самые высокие дегустационные оценки (в среднем за 2015–2021 гг.) получили сорта ‘Красностоп золотовский’ и ‘Кумшацкий белый’ – 8,8 балла, сорт ‘Сибирьковский’ – 8,7 балла, все остальные изучаемые сорта получили оценки на уровне 8,6 балла.



По результатам проведенных многолетних исследований и наблюдений на коллекции за аборигенными донскими сортами винограда выделены по высокому качеству винодельческой продукции 8 сортов: ‘Белобуланый’, ‘Бессергеновский № 10’, ‘Дурман’, ‘Кумшацкий белый’, ‘Махроватчик’, ‘Мушкетный’ (с белой ягодой); ‘Сыпун черный’ и ‘Цимладар’ (с окрашенной ягодой).

Список литературы

1. Ампеелография аборигенных и местных сортов винограда Крыма / В.В. Лиховской [и др.]. Симферополь: ООО «Форма», 2018. 140 с.
2. Ганич В.А., Наумова Л.Г. Кумшацкий белый – перспективный аборигенный донской сорт винограда // Вестник КрасГАУ. 2021. № 12 (177). С. 11–16.

3. Li S.H., Archbold D., London J. Collection, conservation, evaluation and utilization of *Vitis amurensis* germplasm resources in China // *Acta Horticulturae*. 2015. Vol. 1082. P. 79–86. DOI: 10.17660/ACTAHORTIC.2015.1082.10

4. Maul E., Töpfer R., Carka F. et al. Identification and characterization of grapevine genetic resources maintained in Eastern European Collections // *Vitis*. 2015. Vol. 54. P. 5–12. DOI: 10.5073/vitis.2015.54.special-issue.5-12

5. Pelengic R., Koruza B. Slovenia grapevine germplasm // *Acta Agriculturae Slovenica*. 2012. Vol. 99, No. 3. P. 429–432.

ПРИЗНАКОВЫЕ КОЛЛЕКЦИИ ЗЕМЛЯНИКИ САДОВОЙ В СЕЛЕКЦИИ НА УРАЛЕ

Е. Ю. Невоструева, С. А. Макаренко

Уральский федеральный аграрный научно-исследовательский центр Уральского отделения Российской академии наук, Екатеринбург, Россия, sadovodnauka@mail.ru

TRAIT-SPECIFIC COLLECTIONS OF GARDEN STRAWBERRY IN THE BREEDING IN THE URALS

E. Yu. Nevostrueva, S. A. Makarenko

Ural Federal Agrarian Scientific Research centre, Ural Branch of the Russian Academy of Sciences, Ekaterinburg, Russia, sadovodnauka@mail.ru

Селекцией земляники садовой крупноплодной Свердловская селекционная станция садоводства – структурное подразделение ФГБНУ УрФАНИЦ УрО РАН занимается с 50-х годов прошлого столетия. За время работы было испытано и изучено более 400 сортообразцов земляники отечественной и иностранной селекции. Проведено более 500 комбинаций скрещиваний.

Приоритетным направлением селекционной работы при создании новых адаптивных сортов земляники для условий Среднего Урала является селекция на зимостойкость в сочетании с высоким уровнем продуктивности и крупноплодности. В связи с участвовавшим проявлением в последние годы в период вегетации стрессорных факторов для растений немаловажное значение приобретает устойчивость земляники к повышенным температурам воздуха до +36...+39°C при дефиците осадков во время цветения и формирования урожая; перепадам температур в течение суток до 23–25°C; переизбыток увлажнения при пониженных суточных температурах на 2–4°C по сравнению со средними многолетними значениями.

В настоящее время коллекционный фонд земляники составляет 75 сортообразцов, в том числе 22 образца селекции Станции, 53 – других научно-исследовательских учреждений.

Из коллекционного фонда по результатам селекционной оценки исходных форм за время работы выделены перспективные формы, являющиеся источниками признаков:

- зимостойкости – ‘Торпеда’, ‘Гейзер’, ‘Дуэт’, ‘Даренка’, ‘Италмас’, ‘Фестивальная’, ‘Солнечная полянка’, ‘Первоклассница’, ‘Соловушка’, ‘Ольвия’;

- продуктивности – ‘Дуэт’, ‘Италмас’, ‘Гейзер’, ‘Форсаж’, ‘Фестивальная’, ‘Первоклассница’, ‘Соловушка’, ‘Берегиня’, ‘Dukat’, ‘Cardinal’, ‘Totem’, ‘Salsa’, ‘Elsanta’;

- крупноплодности – ‘Италмас’, ‘Дуэт’, ‘Даренка’, ‘Форсаж’, ‘Алтын’, ‘Ольвия’, ‘Фестивальная’, ‘Первоклассница’, ‘Соловушка’, ‘Берегиня’, ‘Marmolada’, ‘Salsa’, ‘Cardinal’, ‘Belrubi’;

- сочетания высоких уровней основных признаков (зимостойкость, продуктивность, крупноплодность) – ‘Дуэт’, ‘Италмас’, ‘Фестивальная’, ‘Соловушка’, ‘Первоклассница’;
- устойчивости к засушливым условиям во время периода вегетации – ‘Дуэт’, ‘Форсаж’, ‘Алтын’, ‘Гейзер’, ‘Италмас’, ‘Соловушка’, ‘Берегиня’;
- высоких вкусовых характеристик ягод – ‘Орлец’, ‘Форсаж’, ‘Торпеда’, ‘Альтаир’, ‘Амулет’, ‘Италмас’, ‘Виола’, ‘Karmen’;
- высоких качественных характеристик ягод (привлекательный внешний вид, плотность кожицы и мякоти) – ‘Дуэт’, ‘Форсаж’, ‘Виола’, ‘Алтын’, ‘Соловушка’, ‘Marmolada’, ‘Salsa’, ‘Cardinal’, ‘Dukat’, ‘Totem’, ‘Elsanta’, ‘Florence’;
- высокого содержания витамина С в ягодах – ‘Дуэт’, ‘Даренка’, ‘Фестивальная’, ‘Cardinal’;
- высокого содержания витаминов группы Р – ‘Торпеда’, ‘Бова’, ‘Амулет’, ‘Фейерверк’;
- раннего срока созревания – ‘Дуэт’, ‘Ярославна’, ‘Десна’;
- позднего срока созревания – ‘Алтын’, ‘Амулет’, ‘Соловушка’, ‘Боровицкая’, ‘Malwina’, ‘Malling Pandora’, ‘Marmolada’, ‘Isaura’;
- устойчивости к серой и фитофторозной кожистой гнилям – отборный сеянец собственной селекции ‘2-45-10’ из семьи Соловушка х Dukat;
- устойчивости к белой и бурой пятнистостям листьев – ‘Дуэт’, ‘Италмас’, ‘Ярославна’, ‘Гейзер’, ‘Боровицкая’, ‘Бова’, ‘Присвята’, ‘Презент’, ‘Isaura’, ‘Karmen’.

Коллекция земляники на Станции сохраняется и ежегодно пополняется как образцами собственной селекции, так и интродуцированными. По мере поступления, новые сортообразцы оцениваем по фенотипу и выделившиеся по тем или иным хозяйственно полезным признакам привлекаем в селекционный процесс в качестве исходных форм.

СОДЕРЖАНИЕ БЕЛКА В ЗЕРНЕ У ГЕНОТИПОВ ПШЕНИЦЫ С РАЗЛИЧНЫМИ АЛЛЕЛЯМИ ГЕНОВ *NAM-A1* И *NAM-B1*

О. А. Орловская*, С. И. Вакула, К. К. Яцевич, Л. В. Хотылева, А. В. Кильчевский
Институт генетики и цитологии Национальной академии наук Беларуси, Минск, Беларусь,
*O.Orlovskaya@igc.by

GRAIN PROTEIN CONTENT IN WHEAT GENOTYPES WITH DIFFERENT *NAM-A1* AND *NAM-B1* ALLELES

O. A. Orlovskaya*, S. I. Vakula, K. K. Yatsevich, L. V. Khotyleva, A. V. Kilchevsky
Institute of Genetics and Cytology of the National Academy of Sciences of Belarus, Minsk,
Belarus, *O.Orlovskaya@igc.by

Обнаружение у сородичей пшеницы аллелей генов *NAM-1*, ассоциированных с высоким содержанием белка, упрочило позиции отдаленной гибридизации в плане повышения питательной ценности зерна *Triticum aestivum* L. С целью обогащения и улучшения генофонда мягкой пшеницы в скрещивания с сортами *T. aestivum* нами привлечены виды-сородичи. Целью данной работы было изучение аллельного состава генов *NAM-A1* и *NAM-B1* у интрогрессивных линий пшеницы и их родительских форм и оценка эффекта различных вариантов генов *NAM-1* на содержание белка в зерне. В исследование включены 22 интрогрессивные линии, полученные от скрещивания 5 сортов мягкой пшеницы с образцами тетраплоидных *T. dicoccoides*, *T. dicoccum*, *T. durum* ($2n = 28$) и гексаплоидных *T. spelta*, *T. kiharae* ($2n = 42$) видов рода *Triticum*. Растения выращивали на экспериментальных полях Института генетики и цитологии НАН Беларуси

в 2017–2019, 2021 гг. (г. Минск). Массовую долю белка в зерне определяли по ГОСТ 10846-91. Для секвенирования последовательностей полноразмерного гена *NAM-A1* и первого экзона *NAM-B1* использовали специфичные праймеры, разработанные (Yang et al., 2018). Результаты эксперимента обобщены с использованием методов описательной статистики и двухфакторного дисперсионного анализа.

Все образцы видов-сородичей мягкой пшеницы характеризовались высоким содержанием белка (показатель в среднем за 4 года составил 20,42–24,58% в зависимости от генотипа. Особенно высокие показатели выявлены для образцов *T. dicocum* и *T. dicoccoides* (24,58% и 24,16% соответственно). Родительские сорта мягкой пшеницы, как правило, уступали сородичам *T. aestivum* по данному признаку (17,08–21,44%). Из 22 проанализированных интрогрессивных линий достоверно превосходили исходный сорт мягкой пшеницы по содержанию белка в зерне 12 генотипов - в 2017 году; 11 – в 2018 году, 10 – в 2019 году, 14 – в 2021 году.

Исследованные образцы родственных видов мягкой пшеницы имели гаплотип *NAM-A1a*, за исключением *T. spelta* к-1731 (*NAM-A1c*). Для сортов *T. aestivum* характерен как гаплотип *NAM-A1d*, так и *NAM-A1a*. Среди изученных нами родительских форм функциональный аллель гена *NAM-B1* (*F*), обеспечивающий высокое содержание белка в зерне, обнаружен только у образцов видов-сородичей. Сорта имели инсерцию 1 п.н. в первом экзоне, приводящую к сдвигу рамки считывания (мутантный аллель, *NF*). Интрогрессивные линии, как правило, наследовали варианты генов *NAM-1* исходного сорта пшеницы. Из 22 интрогрессивных линий гаплотип *NAM-A1* родственного вида выявлен для 6 линий, а функциональный аллель *NAM-B1* – для 5. Всего в исследуемой выборке обнаружено шесть комбинаций аллелей *NAM-A1/B1* (рисунок).

Результаты генотипирования интрогрессивных линий мягкой пшеницы и родительских форм по генам *NAM-A1* и *NAM-B1* сопоставлены с данными анализа содержания белка в зерне и массой 1000 зерен. Долю влияния генетических и средовых факторов в общей изменчивости анализируемых признаков рассчитывали на основании результатов двухфакторного дисперсионного анализа. Установлено, что изменчивость содержания белка в зерне на 70% связана с полиморфизмом *NAM-B1*, вклад *NAM-A1* существенно ниже, а вклад взаимодействия двух генов в дисперсию признака составил 72%. Так, в среднем за четыре года в группах с различными гаплотипами *NAM-A1* наибольшее содержание белка в зерне было у генотипов *NAM-A1a* (21,53%), в группах с различными вариантами *NAM-B1* – с функциональным аллелем *NAM-B1* (22,53%), а при сочетании *a/F* отмечено максимальное количество белка (23,72%). Наличие мутантного аллеля гена *NAM-B1* приводит к снижению содержания белка относительно комбинации с функциональным аллелем: для гаплотипов *NAM-A1a* в среднем на 3,6%, *NAM-A1d* – на 2,3% и *NAM-A1c* – на 0,6%. Максимальное количество белка в зерне накапливали линии с комбинацией *a/F*, минимальное – *d/NF* и *c/NF* (см. рисунок).

Нами не обнаружено достоверного влияния аллельного состояния *NAM-B1* на массу 1000 зерен, а вклад гена *NAM-A1* в изменчивость данного признака составил менее 10%. Образцы с гаплотипами *NAM-A1a* и *NAM-A1c* в сочетании с функциональным аллелем показали незначительное уменьшение массы 1000 зерен по сравнению с генотипами, сочетающими *NAM-A1a* и *NAM-A1c* с мутантным аллелем. Для растений с гаплотипом *NAM-A1d* выявлен рост массы 1000 зерен в группе с функциональным аллелем (40,20 г – у генотипов *d/NF* и 44,34 г – у генотипов *d/F*).

В среднем за 4 года большая часть интрогрессивных линий пшеницы превосходила по содержанию белка в зерне родительские сорта. Выявлено, что наличие функционального аллеля *NAM-B1* обеспечивает высокий уровень накопления белка в зерне независимо от погодных условий, и при этом не приводит к существенному снижению массы 1000 зерен. Полученные результаты свидетельствуют об эффективности интрогрессии функционального аллеля *NAM-B1* от видов-сородичей для повышения питательной ценности мягкой пшеницы.

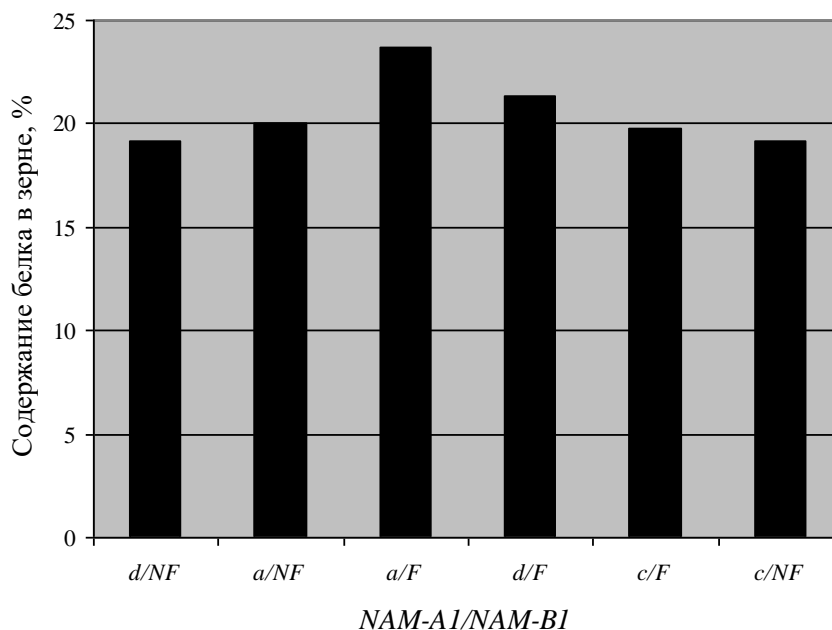


Рисунок. Средние значения содержания белка в зерне в группах генотипов пшеницы с различными сочетаниями аллелей генов *NAM-1*

Список литературы

1. Yang R., Juhasz A., Zhang Y., Chen X., Zhang Y., She M., Zhang J., Maddern R., Edwards I., Diepeveen D., Islam S., Ma W. Molecular characterisation of the *NAM-1* genes in bread wheat in Australia // Crop and Pasture Science. 2018. Vol. 69, No. 12. P. 1173-1181. DOI: 10.1071/CP18273

ПРИМЕНЕНИЕ МИКРОСАТЕЛЛИТНЫХ МАРКЕРОВ ПРИ СОСТАВЛЕНИИ ГЕНЕТИЧЕСКИХ ПАСПОРТОВ ЧЕРНОЙ СМОРОДИНЫ (*RIBES NIGRUM* L.) ИЗ КОЛЛЕКЦИИ ВНИИСПК

А. А. Павленко, М. А. Должикова

Всероссийский научно-исследовательский институт селекции плодовых культур, Орловская область, Россия, tolpekina@vniispk.ru

THE USE OF MICROSATELLITE MARKERS IN THE MAPPING OF GENETIC PASSPORTS OF BLACK CURRANTS (*RIBES NIGRUM* L.) FROM THE VNIISPК COLLECTION

A. A. Pavlenko, M. A. Dolzhikova

Russian Research Institute of Fruit Crop Breeding, Orel region, Russia, tolpekina@vniispk.ru

Черная смородина (*Ribes nigrum* L.) занимает существенную долю ягодных площадей в Центральной России. Эта ягода ценится за высокую и стабильную урожайность, богатое сочетание хозяйственно-биологических и лекарственных свойств, неприхотливость к условиям возделывания, отличается высоким уровнем механизации, что позволяет выращивать смородину черную в промышленных масштабах (Князев, Огольцова, 2004).

В связи с расширением сортимента актуальной задачей становится идентификация посадочного материала с применением современных научных методов. Для таких целей востребованными и высокоэффективными оказались микросателлитные маркеры (SSR), состоящие из простых повторов. Составление генетических паспортов позволяет идентифицировать образцы, установить родство, диагностировать устойчивость к патогенам, а также использовать для защиты авторских прав селекционеров (Янковская и др., 2019).

Первые микросателлитные маркеры для представителей рода смородины (*Ribes L.*) были разработаны группой шотландских ученых в 2002 году (Brennan et al, 2002).

Интенсивная работа по паспортизации плодово-ягодных культур ведется во Всероссийском НИИ селекции плодовых культур (г. Орел). Во ВНИИСПК собрана объемная коллекция сортов плодовых и ягодных культур, в том числе и черной смородины – более 100 сортов.

Цель данного исследования – разработать генетические паспорта сортов черной смородины из коллекции ВНИИСПК, с помощью микросателлитных маркеров. Объектами анализа послужили 8 сортообразцов отечественной селекции смородины черной: ‘Добрый джин’ – Свердловская ССС, г. Екатеринбург; ‘Изюмная’, ‘Селеченская’ – ВНИИ люпина, г. Брянск; ‘Оазис’ – ВНИИСПК, г. Орел; ‘Рита’, ‘Сокровище’, ‘Ядреная’ – НИИСС им. М.А. Лисавенко, г. Барнаул; ‘Стрелец’ – ВСТИСП, Москва. Полиморфизм микросателлитных локусов изучали с помощью набора из 9 SSR-маркеров с оптимизированной температурой отжига праймера, а именно: Cra-489 (50°C), Cra-531 (52°C), g1-M07 (52°C), g1-K04 (52°C), g2-L17 (50°C), g2-G12 (54°C), g2-J08 (54°C), e1-O01 (54°C), gr2-J05 (52°C).

ДНК выделяли из молодых листьев СТАВ-методом (Doyle J.J., Doyle J.L., 1990). Молекулярную диагностику проводили методом полимеразно-цепной реакции. Объем реакционной смеси составлял 20 мкл и содержал 1хПЦР буферный раствор, 200 мкМ нуклеотидов по 2 мкМ прямого и обратного праймера, 0,3 ед. Таq ДНК-полимеразы и 10 нг. ДНК. Амплификацию проводили по схеме: предварительная денатурация – 5 мин при 95°C; денатурация – 30 с при 95°C; отжиг праймера – 30 с; синтез ДНК – 30 с при 72°C (30 циклов); элонгация – 10 мин при 72°C. Фрагменты разделяли на приборе ABI prism Genetic Analyzer 310. Учет первичных данных проводили с помощью программы Peak Scanner Software – v01.

У каждого генотипа в конкретном локусе было выявлено два фрагмента, но у сортов ‘Добрый джин’, ‘Оазис’ и ‘Стрелец’ в некоторых локусах амплифицировалось три фрагмента.

Таким образом, в результате анализа полиморфизма 9 SSR-маркеров были получены молекулярно-генетические профили и составлены генетические паспорта 8 сортов черной смородины с указанием сведений о происхождении растительного материала (таблица). Отмечены уникальные для каждого генотипа наборы аллелей (таблица, жирный шрифт), что позволяет идентифицировать исследуемые сортообразцы.

В результате составленные паспорта можно применять для контроля процесса включения в коллекцию новых образцов, различать близкие по генотипам виды, определять родство и устанавливая внутривидовые связи.

Таблица. Генетические паспорта 8 сортов смородины черной (*Ribes nigrum*).

Сорта	SSR-маркер								
	Стг-489	Стг-531	g1-M07	g1-K04	g2-L17	g2-G12	g2-J08	e1-001	g2-J05
Добрый джин (Fertodi × Диковинка)	235/244	165/171	206/214	310	156	191/197	165	144/155	169/173/198
Изюмная (37-5 × Сеянец Голубки)	247	165	210/214	312/316	162	187/197	165/167	142/146	192
Оазис (С. 1146 св.оп)	244/247	165	206/214	311	154	183	155/166	143/145	169/188/192
Рита (Сеянец Голубки × Лепаан Муста)	247	165	214/222	311/313	156/162	187/197	155/166	145/147	192
Селенская (Сеянец Голубки × 32-77)	247	165/170	206/216	311/317	144	187	159	139/147	169/198
Сокровище (5-67-2 (F1 Черной грозди) × Нестор Козин)	244	165/171	216/233	310/312	144/146	191/197	165/167	138/144	192
Стрелец (Селенская 2 св.оп)	244	165/171	202/217/233	310/312	144/146	191/197	165/167	138/144	192
Ядреная (3-78-3) × Любимица Алтая)	237/247	171	202/214/233	310	156	187/197	165/167	148/155	169/198

Список литературы

1. Князев С.Д., Огольцова Т.П. Селекция смородины черной на современном этапе. Орел, 2004. 238 с.
2. Янковская А.А., Князева И.В., Упадышев М.Т. Молекулярное маркирование и генетическая паспортизация: использование в селекции, биотехнологии и идентификации садовых культур // Садоводство и виноградарство. 2019. Т. 5. С. 5–11. DOI: 10.31676/0235-2591-2019-5-11
3. Brennan R., Jorgensen L., Hackett C., Woodhead M., Gordon S., Russell J. The development of a genetic linkage map of blackcurrant (*Ribes nigrum* L.) and the identification of regions associated with key fruit quality and agronomic traits // Euphytica. 2008. Vol. 161, No. 1. P. 19–34. DOI: 10.1007/s10681-007-9412-8
4. Doyle J.J., Doyle J.L. Isolation of plant DNA from fresh tissue // Focus. 1990. Vol. 12, No. 1. P. 13–15.

СКРИНИНГ ГЕНЕТИЧЕСКИХ РЕСУРСОВ *CUCURBITA* L. КОЛЛЕКЦИИ ВИР ПО УСТОЙЧИВОСТИ К ЛОЖНОЙ МУЧНИСТОЙ РОСЕ

Т. М. Пискунова*, З. Ф. Мутьева

Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова, Санкт-Петербург, Россия, *tmpiskunova@yandex.ru

SCREENING OF GENETIC RESOURCES OF *CUCURBITA* L. FROM THE VIR COLLECTION FOR RESISTANCE TO DOWNY MILDEW

T. M. Piskunova*, Z. F. Mutyeva

N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources, St. Petersburg, Russia, *tmpiskunova@yandex.ru

Ложная мучнистая роса (пероноспороз) – наиболее вредоносное заболевание тыквы в открытом грунте в условиях Северо-Западной зоны РФ, которое в отдельные годы носит

эпифитотийный характер. Возбудитель заболевания – гриб *Pseudoperonospora cubensis* (Berk. et Curt.) Rostow. Болезнь развивается преимущественно на листьях. На верхней стороне листьев образуются светло-желтые угловатые пятна, которые постепенно увеличиваются и сливаются. С нижней стороны листьев в местах пятен образуется серовато-фиолетовый налет спорношения возбудителя болезни, листья буреют и засыхают. В эпифитотийные годы отмечается полная гибель растений у сортов, восприимчивых к этому заболеванию.

Скрининг коллекции тыквы по устойчивости к ложной мучнистой росе проводили в 2019–2021 гг. в условиях НПБ «Пушкинские и Павловские лаборатории ВИР». В исследования были включены 80 образцов двух видов: тыква крупноплодная (*Cucurbita maxima* Dush.) и тыква твердокорая (*C. pepo* L.), а также двух разновидностей тыквы твердокорой – кабачок (var. *giraumonas*) и патиссон (var. *melopepo*) различного географического происхождения.

В годы изучения пероноспороз имел разную степень распространения на посевах тыквы. В 2020 г. и 2021 г. заболевание имело характер эпифитотии, степень развития болезни в эти годы достигала 77–90%. Такой высокий естественный инфекционный фон позволил дифференцировать образцы по степени устойчивости к пероноспорозу.

Развитие пероноспороза в значительной степени зависело от погодных условий. Наиболее сильное распространение заболевания возникало после периода прохладной дождливой погоды. Появление первых симптомов наблюдалось в конце августа. Оценка растений проводилась в III декаде сентября, в период наибольшего распространения болезни. Пораженность растений пероноспорозом оценивали по 5-балльной шкале, где 0 – поражение отсутствует, 4 – максимальный балл поражения (рис. 1).

Были отмечены значительные различия между видами и разновидностями тыквы по восприимчивости к этому заболеванию. Наибольшее распространение ложной мучнистой росы было отмечено у разновидностей тыквы твердокорой – кабачка и патиссона. Средневзвешенный балл поражения на изученной коллекции составил от 0–0,5 до 3,3–3,9 у кабачка и от 2,1–2,7 до 3,5–3,78 у патиссона. Степень развития болезни варьировала от 0 до 89% у кабачка и от 27 до 100% у патиссона.

Скрининг коллекции кабачка по устойчивости к пероноспорозу показал значительную сортовую дифференциацию по восприимчивости к данному патогену (рис. 2). Из 45 изученных образцов кабачка 17 оказались сильно восприимчивыми (степень развития болезни 77,5–100%), 12 образцов имели низкую устойчивость (степень развития болезни 52,5–75%), 7 образцов были среднеустойчивыми (степень развития болезни 30–50%). К среднеустойчивым образцам относятся ‘Concordia SQ 10472’ (к-5393, Франция), ‘Marcella Ну’ (к-5395, Нидерланды), ‘Pascal Ну’ (к-5396, Испания), ‘Чародей F1’ (к-5412, Россия), ‘Quarantaine Ну’ (вр.к-2122, Франция), ‘Aquilone F1’ (к-5406, Италия), ‘Patro F1’ (к-5398, Италия).

Образцы ‘Emerald Delight Zucchini’ (к-5460, США), ‘Марьян’ (к-5603, Испания), ‘Dirani Lebaneze’ (к-5532, США), б/н (к-3044, Китай) и б/н (к-4001, Китай) показали высокую устойчивость, имели лишь единичные растения с минимальным поражением, средневзвешенный балл поражения составил от 0,2 до 0,5%, степень развития болезни от 5 до 10%. Образцы ‘Спагетти’ (к-5463) и ‘Макаронный’ (к-5557) из России, ‘Бонито’ (к-5572) и ‘Барбаро’ (к-5571) из Испании были полностью иммунными, поражение отсутствовало.

Следует также отметить, что образцы кабачка ‘Emerald Delight Zucchini’ (к-5460, США) и ‘Марьян’ (к-5603, Испания), сочетали высокую устойчивость к пероноспорозу с высокой устойчивостью к мучнистой росе.

Среди образцов тыквы высокой устойчивостью к пероноспорозу характеризовались: Местная (к-5152, Киргизия), ‘Твердокорая красная’ (к-4281, Пакистан), ‘Зеленая столовая’ (к-5342, Китай), Местная (к-5498, Таджикистан), ‘Куриджиман’ (к-5569, Франция).



Рис. 1. Растение кабачка с очень сильным (4 балла) поражением пероноспорозом



Рис. 2. Различные образцы по устойчивости к пероноспорозу

В результате исследований выделены образцы кабачка и тыквы с высокой устойчивостью к пероноспорозу, которые рекомендуются для использования в качестве исходного материала для создания новых сортов.

РОЛЬ ГЕНОФОНДА ВИР В СЕЛЕКЦИИ ОЗИМОЙ ТРИТИКАЛЕ НА ПРОДУКТИВНОСТЬ, ЗИМОСТОЙКОСТЬ И КАЧЕСТВО ЗЕРНА В УСЛОВИЯХ СРЕДНЕГО ПОВОЛЖЬЯ

С. Н. Пономарев*, М. Л. Пономарева, Н. Ш. Гараева

Татарский научно-исследовательский институт сельского хозяйства ФИЦ КазНЦ РАН,
Казанский научный центр Российской академии наук, Казань, Республика Татарстан,
Россия, *smponomarev@yandex.ru

THE ROLE OF THE VIR GENE POOL IN WINTER TRITICALE BREEDING FOR PRODUCTIVITY, WINTER HARDINESS AND GRAIN QUALITY IN THE MIDDLE VOLGA REGION

S. N. Ponomarev*, M. L. Ponomareva, N. Sh. Garaeva

Tatar Scientific Research Institute of Agriculture KazSC RAS, Kazan Scientific Center of
Russian Academy of Sciences, Kazan, Tatarstan, Russia, *s.ponomarev2020@yandex.ru

В настоящее время стратегия селекции озимой тритикале в ТатНИИСХ ФИЦ КазНЦ РАН базируется на мобилизации адаптивного потенциала растений. Новые сорта и подходы к их созданию ориентированы на то, чтобы их основные параметры адаптивности и продуктивности отвечали широкому спектру факторов окружающей среды конкретной зоны возделывания. Это обуславливает качественно новые требования к подбору исходного материала. Коллекционный материал, накопленный в ВИР и изучаемый в условиях Среднего Поволжья на протяжении многих лет, имеет первостепенное значение для подбора источников уникальных признаков и их сочетания. В институте собран обширный коллекционный генофонд отечественной селекции в количестве 93 сортов, представленный всеми селекционными центрами России, ведущими селекцию озимой тритикале. Основное внимание уделяется источникам высокой продуктивности, скороспелости, короткостебельности, высокого качества зерна. Создана рабочая коллекция, ставшая

основой для решения основных селекционных задач, связанных с продовольственной безопасностью и производством продуктов питания, создания сырья для промышленного использования и устойчивого развития сельского хозяйства.

Изучение, оценка и подбор лучших образцов осуществляются как на естественном фоне, так и на провокационных инфекционных фонах. Расчеты показывают, что абиотические и биотические факторы вегетации растений вносят решающий вклад в вариабельность урожайности и качества зерна по годам. На рисунке представлены диаграммы изменчивости коллекционных образцов по хозяйственно ценным признакам.

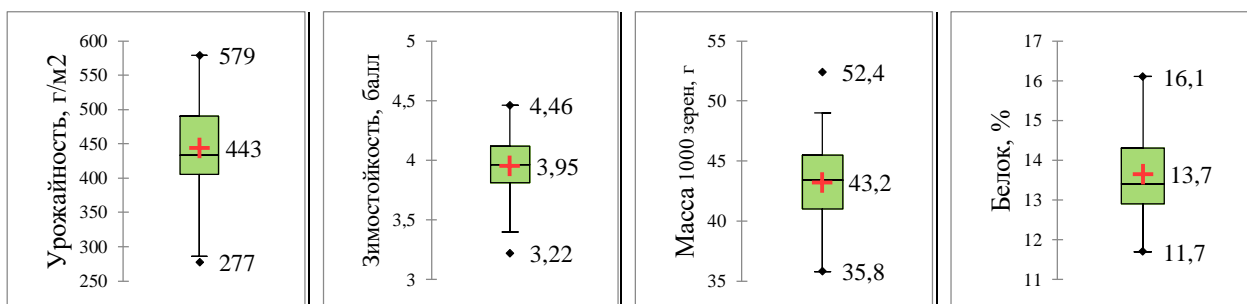


Рисунок. Диаграммы амплитуды изменчивости хозяйственно ценных признаков у 93 образцов коллекции ВИР

Высокой продуктивностью в условиях Среднего Поволжья выделились 17 сортов: ‘Топаз’, ‘Зимогор’, ‘Вокализ’, ‘Трибун’, ‘Корнет’, ‘Бард’, ‘Скиф’, ‘Капрал’, ‘Водолей’, ‘Консул’, ‘Каприз’, ‘Алмаз’ (Ростовская обл.), ‘Докучаевский 8’, ‘Докучаевский 12’, ‘Привада’ (Воронежская обл.), ‘Цекад 90’ (Новосибирская обл.), ‘Антей’ (Московская обл.). Высокой зимостойкостью обладали 13 сортов: ‘Башкирская короткостебельная’ (Респ. Башкортостан), ‘Цекад 90’ (Новосибирская обл.), ‘Алтайская 5’ (Алтайский край), ‘ОГМ1’ (Омская обл.), ‘Докучаевский 8’, ‘Докучаевский 12’ (Воронежская обл.), ‘Антей’ (Московская обл.), ‘Аграф’, ‘Корнет’, ‘Капрал’, ‘ТИ17’, ‘Бард’, ‘Вокализ’ (Ростовская обл.). Высокой продуктивностью колоса характеризовались 11 сортов: ‘Святозар’ (Саратовская обл.), ‘Топаз’, ‘Корнет’, ‘Зимогор’, ‘Ацтек’, ‘Тарасовский юбилейный Сколот’ (Ростовская обл.), Мир, ‘Валентин 90’ (Краснодарский край), ‘СНТ 5/92’ (Омская обл.).

Высокую крупность зерна и массу 1000 зерен имели 16 сортов: ‘Святозар’ (Саратовская обл.), ‘Мир’, ‘Авангард’, ‘Конвейер’, ‘Союз’, ‘Сотник’ (Краснодарский край), ‘СНТ 5/92’ (Омская обл.), ‘Привада’, ‘Докучаевский 5’, ‘Курская степная’ (Воронежская обл.), ‘Топаз’, ‘Корнет’, ‘Водолей’, ‘ТИ17’ (Ростовская обл.), ‘Варвара’, ‘Устинья’ (Самарская обл.).

Высоким содержанием белка в зерне выделились 11 сортов: ‘Алтайская 3’, ‘Алтайская 4’ (Алтайский край), ‘Ставропольский 5’ (Ставропольский край), ‘ПРАГ Д 426’, ‘ПРАГ Д 454’ (Респ. Дагестан), ‘Аграф’ (Ростовская обл.), ‘Студент’ (Саратовская обл.), ‘Курская степная’ (Воронежская обл.), ‘Сибирский’ (Омская обл.), ‘Конвейер’, ‘Мир’ (Краснодарский край).

В результате изучения генофонда ВИР по комплексу признаков в гибридизацию за последние 10 лет включены вышеперечисленные образцы, получено 490 гибридных комбинаций между сортами отечественной и иностранной селекции. Эколого-географическая представительность, разнообразие по морфологическим и хозяйственно ценным признакам расширили запасы генетической изменчивости исходного материала, удовлетворяя требованиям по диверсификации использования зерна тритикале при производстве кормов и продуктов питания. Проведенные исследования показали, что по продуктивности и зимостойкости использование российских сортов в скрещиваниях более эффективно, чем привлечение неадаптированных к агрозоне Среднего Поволжья сортов зарубежной селекции.

ГЕНЕТИЧЕСКИЕ РЕСУРСЫ ОЗИМОЙ РЖИ ДЛЯ РЕШЕНИЯ ФУНДАМЕНТАЛЬНЫХ И ПРИКЛАДНЫХ СЕЛЕКЦИОННЫХ ЗАДАЧ

**М. Л. Пономарева, С. Н. Пономарев*, Г. С. Маннапова, Л. Ф. Гильмуллина,
Д. Д. Сайфутдинова**

Татарский научно-исследовательский институт сельского хозяйства ФИЦ КазНЦ РАН,
Казанский научный центр Российской академии наук, Казань, Республика Татарстан,
Россия, *smponomarev@yandex.ru

GENETIC RESOURCES OF WINTER RYE FOR FUNDAMENTAL AND APPLIED BREEDING PURPOSES

**M. L. Ponomareva, S. N. Ponomarev*, G. S. Mannapova, L. F. Gilmullina,
D. D. Sayfutdinova**

Tatar Scientific Research Institute of Agriculture KazSC RAS, Kazan Scientific Center of
Russian Academy of Sciences, Kazan, Tatarstan, Russia, *smponomarev@yandex.ru

Идея Н. И. Вавилова о мобилизации мировых генетических ресурсов растений для фундаментальных и прикладных исследований в настоящее время получила новый смысл. Повышение эффективности создания качественно нового исходного материала основывается на применении в селекционных программах мирового многообразия сортообразцов и изучении генетических закономерностей наследования и изменчивости хозяйственно ценных признаков (Пономарева, Пономарев, 2019). Кроме того, генетическая коллекция может быть использована в качестве испытательной панели для оценки вновь разработанных генетических маркеров или в исследованиях разнообразия последовательностей отдельных фрагментов генома (Abdelhalim et al., 2020).

Селекция озимой ржи ведется в Татарстане более 100 лет, но биоресурсная коллекция (БРК), получаемая, главным образом, из ВИР, начала детально изучаться в середине 1980-х годов. За сорокалетний период изучения было оценено свыше 2000 сортообразцов, лучшие из которых вовлечены в селекционный процесс.

Целью настоящего периода работы является выведение высокоурожайных, экологически адаптированных и ориентированных на рынок сортов озимой ржи. В зависимости от конечного использования ржаного сырья в программе селекции ржи применяются контрастные критерии отбора и разнообразные генетические ресурсы.

Основными сферами применения зерна ржи являются хлебопекарная, кормовая и спиртовая промышленность. Применимость зерна для каждой цели во многом определяется содержанием и структурой арабиноксиланов. Водорастворимые арабиноксиланы улучшают качество хлеба и оказывают благотворное влияние на здоровье человека. В то же время, высокая водоудерживающая способность этих полисахаридов делает их нежелательным компонентом корма для животных. Вязкие растворы, образуемые арабиноксиланами, препятствуют перевариванию корма. В пивоварении и производстве спирта гелеобразное осаждение растворимых и нерастворимых арабиноксиланов создает проблему фильтрации, что увеличивает временные и финансовые затраты. Таким образом, для различных областей применения необходимы сорта ржи, различающиеся по содержанию и растворимости арабиноксиланов. Мы исследовали более 2500 образцов БРК и собственного селекционного материала озимой ржи ТатНИИСХ ФИЦ КазНЦ РАН, по количеству и качеству арабиноксиланов, и отобрали образцы и линии для различных направлений.

Кроме этого, генетические ресурсы озимой ржи были проанализированы на устойчивость к наиболее вредоносным для зоны заболеваниям. В настоящее время наибольшую экономическую значимость приобретает снежная плесень, вызываемая психрофильными и психротолерантными грибами. Характерной особенностью этих

фитопатогенов является то, что они паразитируют в основном зимой под снежным покровом при низких положительных температурах, приводя к довольно серьезным повреждениям или гибели растений (рис. 1). Частота проявления эпифитотий и высокой вредоносности снежной плесени (более 20%) за последнее десятилетие наблюдается с периодичностью 7 раз за 10 лет (рис. 2). Нами проведен многолетний скрининг 90 образцов озимой ржи из БРК как в естественных условиях поражения, так и на искусственном инфекционном фоне. Для этого был создан уникальный экспериментальный участок – инфекционный питомник, который в течение многих лет экзогенно обогащается патогенным комплексом снежной плесени. Иммунологическая оценка генетических ресурсов озимой ржи показала, что восприимчивыми являются 41%, среднеустойчивыми – 42%, устойчивыми – 17% образцов коллекции.



Рис. 1. Поражение снежной плесенью образцов БРК на естественном инфекционном фоне, 2019 г.

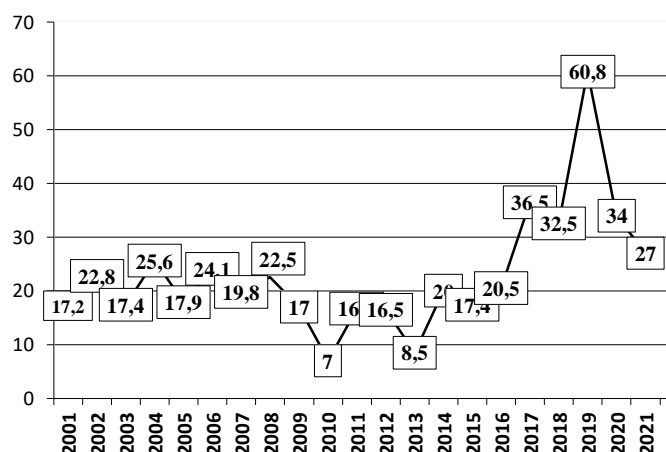


Рис. 2. Средневзвешенный процент распространённости снежной плесени на территории Республики Татарстан

В настоящее время в рабочей коллекции озимой ржи находится свыше 70 сортов, имеющих различное географическое происхождение. Работа по изучению коллекции ведется в нескольких направлениях: оценка исходного материала, выделение источников устойчивости к наиболее опасным заболеваниям, абиотическим стрессам, высокой продуктивности и качества зерна.

Список литературы

1. Пономарева М.Л., Пономарев С.Н. Научные основы селекции озимой ржи: монография. Казань: Издательство ФЭН, 2019. 352 с.
2. Abdelhalim M., Brurberg M.B., Hofgaard I.S., Rognli O.A., Tronsmo A.M. Pathogenicity, host specificity and genetic diversity in Norwegian isolates of *Microdochium nivale* and *Microdochium majus* // European Journal of Plant Pathology. 2020. Vol. 156, No. 3. С. 885–895. DOI:10.1007/s10658-020-01939-5

ЭФФЕКТИВНОСТЬ МАРКЕРОВ ГЕНА *SKR* В ИДЕНТИФИКАЦИИ ЛЕГКО СКРЕЩИВАЮЩИХСЯ С РОЖЬЮ ФОРМ МЯГКОЙ ПШЕНИЦЫ

И. В. Поротников*, О. Ю. Антонова, О. П. Митрофанова

Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова, Санкт-Петербург, Россия, *i.v.porotnikov@gmail.com

EFFICIENCY OF *SKR* GENE MARKERS IN IDENTIFICATION OF CROSSABLE COMMON WHEAT FORMS WITH RYE

I. V. Porotnikov*, O. Yu. Antonova, O. P. Mitrofanova

N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources, St. Petersburg, Russia, *i.v.porotnikov@gmail.com

Интрогрессия чужеродного генетического материала от представителей других видов и родов посредством отдаленной гибридизации – основной способ обогащения генофонда мягкой пшеницы (*Triticum aestivum* L.). Полученные путем отдаленной гибридизации формы широко используются при создании новых сортов, устойчивых к неблагоприятным факторам внешней среды. Скрещиваемость мягкой пшеницы с представителями рода *Secale* L. контролируется генами *Kr1-Kr4* и супрессором *SKR* (Laugerotte et al., 2022). Доминантные аллели этих генов детерминируют межродовую несовместимость (завязываемость зерновок менее 10%), а присутствие рецессивных аллелей сопряжено с высокой скрещиваемостью (Lange, Wojciechowska, 1976). Основной по силе эффект оказывают гены *Kr1* и *Skr*, картированные в длинном и коротком плечах хромосомы 5В соответственно (Alfares et al., 2009; Bertin et al., 2009). Молекулярные маркеры гена *Skr* доказали свою эффективность в контроле передачи его рецессивных аллелей в другие сорта, однако их применимость для скрининга образцов коллекций генетических ресурсов пшеницы с целью поиска легко скрещивающихся форм до конца не изучена (Alfares et al., 2009; Vouguennec et al., 2018). Цель исследований – изучение аллельного полиморфизма маркерных локусов, тесно сцепленных с *Skr*, и анализ их эффективности в идентификации генотипов мягкой пшеницы с признаком высокой скрещиваемости с рожью.

Исследование проводили на выборке образцов, отобранных из коллекции генетических ресурсов пшеницы ВИР. Каждый образец был представлен двумя-тремя индивидуальными растениями (генотипами). Согласно данным литературы и/или проведенному фенотипированию 79 генотипов характеризовались легкой (14,5–93,3%) скрещиваемостью с рожью, а 25 – плохой (0–8,3%). Для молекулярного скрининга были привлечены следующие маркеры: *Xcfb341* (SSR), *gene12*, *gene13*, *TGlc2* (Alfares et al., 2009; Vouguennec et al., 2018). Все они тесно сцеплены с геном *Skr* (расстояние менее 0,4 сМ).

Наиболее полиморфными оказались маркеры *Xcfb341* и *TGlc2*, каждый из них имел по четыре аллеля, два из которых ранее в литературе описаны не были. Диагностические фрагменты маркеров *Xcfb341* (аллель А), *gene12* (В) и *TGlc2* (А), *gene13* (А), ассоциированные с высокой скрещиваемостью, преобладали у совместимых с рожью генотипов, однако примерно в половине случаев они присутствовали и у несовместимых генотипов. Диагностические фрагменты низкой скрещиваемости были выявлены у большинства несовместимых с рожью форм, но наблюдались также и у небольшой части генотипов с высокой завязываемостью гибридных зерновок. Эффективность диагностических фрагментов маркеров в идентификации генотипов с соответствующим признаком определяли по величине соотношения форм с правильной ассоциацией аллель-признак к общему числу изученных генотипов. В целом, диагностические фрагменты маркеров *Xcfb341*, *gene12* и *TGlc2* показали примерно равную и достаточно высокую

эффективность (таблица), менее эффективным оказался маркер gene13, который давал правильную ассоциацию аллель-признак для 62,5% генотипов.

Таблица. Встречаемость (в %) диагностических фрагментов молекулярных маркеров, тесно сцепленных с *Skr*, и различных гаплотипов у совместимых и несовместимых с рожью генотипов мягкой пшеницы

Группы генотипов, эффективность маркеров/гаплотипов	Xcfb341		TGlc2		gene12		gene13		Гаплотипы		
	A ¹	C ²	A ¹	B ²	B ¹	C ²	A ¹	B ²	H ^{Skr-1}	H ^{Skr-2}	H ^{Skr-3}
С высокой скрещиваемостью	79,7	15,1	80,0	13,7	83,5	15,1	65,0	33,7	56,9	17,7	12,6
С низкой скрещиваемостью	40,0	60,0	44,0	56,0	44,0	56,0	36,0	64,0	36,0	4,0	52,0
Эффективность, %	78,0		78,0		77,7		62,5		78,3		

1 – диагностические фрагменты маркеров, ассоциированные с высокой скрещиваемостью; 2 – диагностические фрагменты маркеров, ассоциированные с низкой скрещиваемостью.

На основе аллельного состава локусов *Xcfb341*, *TGlc2*, *gene12* и *gene13* выделено 12 гаплотипов. По комбинациям этих аллелей наиболее разнообразными оказались генотипы, хорошо скрещивающиеся с рожью. Наиболее распространенными были гаплотипы H^{Skr-1}, H^{Skr-2} и H^{Skr-3}, остальные – либо редкими, либо уникальными. Гаплотипы H^{Skr-1} и H^{Skr-2} ассоциированы с высокой скрещиваемостью с рожью, а гаплотип H^{Skr-3} – с низкой. Эффективность данных гаплотипов составила 78,3% (см. таблицу).

Таким образом, использование маркеров *Xcfb341*, *TGlc2*, *gene12* и *gene13* показало высокий полиморфизм генотипов мягкой пшеницы, характеризующихся высокой скрещиваемостью с рожью, по аллельному составу этих локусов, а также их довольно высокую эффективность в выявлении легко скрещивающихся с рожью генотипов. Для еще большего повышения эффективности поиска таких генотипов мы планируем привлечь дополнительные молекулярные маркеры.

Список литературы

1. Alfares W., Bouguennec A., Balfourier F., Gay G., Bergès H., Vautrin S., Sourdille P., Bernard M., Feuillet C. Fine mapping and marker development for the crossability gene *SKr* on chromosome 5BS of hexaploid wheat (*Triticum aestivum* L.) // *Genetics*. 2009. Vol. 183, No. 2. P. 469–481. DOI: 10.1534/genetics.109.107706
2. Bertin I., Fish L., Foote T.N., Knight E., Snape J., Moore G. Development of consistently crossable wheat genotypes for alien wheat gene transfer through fine-mapping of the *Kr1* locus // *Theoretical and Applied Genetics*. 2009. Vol. 119, No. 8. P. 1371–1381. DOI: 10.1007/s00122-009-1141-z
3. Bouguennec A., Lesage V.S., Gateau I., Sourdille P., Jahier J., Lonnet P. Transfer of recessive *skr* crossability trait into well-adapted French wheat cultivar Barok through marker-assisted backcrossing method // *Cereal Research Communications*. 2018. Vol. 46, No. 4. P. 604–615. DOI: 10.1556/0806.46.2018.043
4. Laugerotte J., Baumann U., Sourdille P. Genetic control of compatibility in crosses between wheat and its wild or cultivated relatives // *Plant Biotechnology Journal*. 2022. Vol. 20, No. 5. P. 812–832. DOI: 10.1111/pbi.13784
5. Lange W., Wojciechowska B. The crossing of common wheat (*Triticum aestivum* L.) with cultivated rye (*Secale cereale* L.). I. Crossability, pollen grain germination and pollen tube growth // *Euphytica*. 1976. Vol. 25, No. 1. P. 609–620. DOI: 10.1007/BF00041598

УСТОЙЧИВОСТЬ ОБРАЗЦОВ МЕСТНОГО ЯЧМЕНЯ ИЗ МОНГОЛИИ К ОБЫКНОВЕННОЙ ЗЛАКОВОЙ ТЛЕ

Е. Е. Радченко*¹, Р. А. Абдуллаев¹, Д. Е. Акимова¹, И. Ю. Зайцева²

¹Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова, Санкт-Петербург, Россия,
eugene_radchenko@rambler.ru

²Санкт-Петербургский государственный аграрный университет, Санкт-Петербург,
Россия

GREENBUG RESISTANCE IN BARLEY LANDRACES FROM MONGOLIA

E. E. Radchenko*¹, R. A. Abdullaev¹, D. E. Akimova¹, I. Yu. Zajtseva²

¹N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources, St. Petersburg, Russia,
*eugene_radchenko@rambler.ru

²Saint-Petersburg State Agrarian University, St. Petersburg, Russia

Значительный ущерб посевам ячменя в южных регионах Российской Федерации причиняет обыкновенная злаковая тля *Schizaphis graminum* Rondani. Существенно лимитировать вредоносность тли на ячмене можно с помощью селекции и возделывания устойчивых сортов. Показана специфичность отношений *S. graminum* с ячменем, что определяет необходимость расширения генетического разнообразия возделываемых сортов. В контролируемых условиях изучили 175 образцов местного ячменя из Монголии по устойчивости к краснодарской (Кубанская опытная станция – филиал ВИР) популяции тли. Ювенильные растения заселяли смесью клонов, стряхивая разновозрастных тлей (4-5 особей/растение) на оцениваемые образцы ячменя. При гибели контроля оценивали устойчивость по шкале от 0 (нет повреждений) до 10. Растения с баллами 1–4 (повреждено до 30% листовой поверхности) относили к классу устойчивых, 9–10 – восприимчивых. Оценили поврежденность устойчивых линий, отобранных из гетерогенных образцов к-3885, к-3904 и к-4080, а также сорта ‘Post’ (носитель идентифицированного ранее гена *Rsg1*) выделенными из популяции 86 клонами тли. В лаборатории анализировали расщепление по устойчивости к тле F₂ гибридов от скрещивания трех образцов из Монголии с восприимчивым сортом ‘Белогорский’ (к-22089, Россия, Ленинградская обл.).

Выделили 6 гетерогенных образцов, у которых выявлены растения с высокой устойчивостью к вредителю; у 28 образцов поврежденность листовой поверхности устойчивого компонента варьировала в пределах 5–7 баллов (повреждено от 31 до 60% листовой поверхности). Значительная изменчивость признака может обуславливаться проявлением генов со слабым фенотипическим эффектом и/или присутствием в популяции *S. graminum* клонов с различной вирулентностью к изученным формам. Заселение чистых линий, выделенных из образцов к-3885, к-3904 и к-4080, популяцией тли обуславливало поврежденность растений от двух до восьми баллов. При заселении этих линий клонами фитофага наблюдали 3 фенотипических класса: устойчивый (1–4 балла, проявление генов с высокой экспрессивностью), умеренно устойчивый (5–8 баллов, действие генов со слабым эффектом) и восприимчивый (9–10 баллов, вирулентность клона и к главным, и к малым генам устойчивости). Следовательно, верны оба предположения: линии защищены генами устойчивости к насекомому с отчетливым и слабым фенотипическим проявлением, которые дифференциально взаимодействуют с генотипами тли. В результате оценки устойчивости четырех образцов ячменя к клонам *S. graminum* выявили 15 фенотипов вирулентности тли. Образцы к-3885, к-3904 и к-4080 имеют по одному доминантному аллелю устойчивости, которые различаются между собой и отличаются от гена *Rsg1*.

Исследование выполнено за счет гранта Российского научного фонда (Проект № 21-76-00018, <https://rscf.ru/project/21-76-00018/>).

АНАЛИЗ ПОЛИМОРФИЗМА МИКРОСАТЕЛЛИТНЫХ ЛОКУСОВ ДНК ДЛЯ ГЕНОТИПИРОВАНИЯ СОИ МЕТОДОМ КАПИЛЛЯРНОГО ЭЛЕКТРОФОРЕЗА

С. А. Рамазанова*, В. Г. Савиченко

Федеральный научный центр «Всероссийский научно-исследовательский институт масличных культур имени В.С. Пустовойта», Краснодар, Россия, *ramazanov1969@mail.ru

ANALYSIS OF POLYMORPHISM OF MICROSATELLITE LOCI OF DNA FOR SOYBEAN GENOTYPING BY A METHOD OF CAPILLARY ELECTROPHORESIS

S. A. Ramazanova*, V. G. Savichenko

V.S. Pustovoit All-Russian Research Institute of Oil Crops, Krasnodar, Russia, *ramazanov1969@mail.ru

Новые сорта сельскохозяйственных культур, заявленные на выдачу патента, согласно Регламенту, утвержденному Государственной комиссией Российской Федерации по испытанию и охране селекционных достижений, должны соответствовать установленным требованиям, а именно, отличаться от существующих общеизвестных сортов, быть достаточно однородными и стабильными (критерий ООС) (Регламент принятия..., 2022). В настоящее время эти критерии в большинстве случаев оцениваются с использованием морфологических признаков или белковых маркеров. Безусловно, более точными и удобными для оценки критериев ООС являются методы, основанные на анализе полиморфизма ДНК. Однако пока еще отсутствует общепринятая методика ДНК-идентификации сортов культурных растений. Нет и единого мнения относительно выбора типа молекулярных маркеров, их необходимом количестве и уровне информативности. Поэтому нужны углубленные исследования в сфере генетической паспортизации видов, сортов и форм растений. В частности, это относится и к проблеме паспортизации сортов сои (*Glycine max* (L.) Merr.). Одним из наиболее перспективных и пригодных для практического использования является SSR-анализ, как обладающий высокой точностью, надежностью и хорошей воспроизводимостью результатов. Этот метод уже используется для сертификации и паспортизации сортов сои в странах крупнейших экспортеров этой культуры. С 2008 года во ВНИИМК проводится паспортизация сортов, линий и гибридов сои с использованием системы микросателлитных локусов (SSR). Однако практика показала, что при массовом ее использовании пришлось отказаться от нескольких локусов, которые были либо мало информативны, либо сложны в интерпретации результатов генотипирования. К тому же в последние годы были усовершенствованы методы детекции продуктов амплификации, что позволило увеличить их точность и разрешающую способность. Одним из них является фрагментный анализ ДНК методом капиллярного геле-электрофореза, который весьма эффективен для генетической экспертизы сортов ряда важнейших сельскохозяйственных культур. В настоящем исследовании были апробированы микросателлитные локусы, использованные нами ранее для паспортизации сортов Satt 2, Satt5, Satt9, Soypr1, Sat1, Sat36, Sat43, Soyhsp176, Soysc514, Satt141, Satt681, Satt181, Satt161, Sat_263 и 10 новых SSR-локусов Satt532, Satt286, Sat420, Satt631, Sat374, Satt307, Satt309, Sct413, Sct189, Satt149 локализованных в разных хромосомах, отобранных из базы данных SoyBase (SoyBase, 2022). Объектом исследований были 20 генотипов сои (*G. max*) коллекции ВИР, репродуцированной на Армавирской опытной станции (АОС ФГБНУ ФНЦ ВНИИМК). В результате проведенных исследований были отобраны восемь локусов наиболее пригодных для фрагментного анализа. Отбор проводили по таким критериям, как хорошая воспроизводимость, высокая информативность и простота интерпретации результатов. А также были отобраны локусы с максимально отличающимися размерами амплифицированных фрагментов ДНК для того, чтобы в дальнейшем была возможность создания мультиплексных наборов. Всего в этой группе

генотипов было выявлено 25 аллелей. Число аллелей на локус варьировало от 3 до 4, что в среднем составило 3,1. Максимальное количество аллелей – 4 было выявлено у локуса Satt286. Среднее эффективное число аллелей на локус составило 1,97. Индекс полиморфного информационного содержания (PIC) у изученных образцов варьировал от 0,40 до 0,56. На основании полученных данных о частоте встречаемости аллелей и их размере была проведена оценка степени генетического родства изученных генотипов сои. Разработка системы микросателлитных локусов для паспортизации сортов сои методом фрагментного анализа будет продолжена. Но уже на данном этапе установлено, что дискриминационный потенциал изученной маркерной системы из восьми SSR-локусов был достаточен для четкой дифференциации генотипов сои. Для каждого образца получены уникальные ДНК профили, позволяющие различать и идентифицировать их. Полученные данные могут использоваться для анализа генетического разнообразия коллекции генетических ресурсов сои. А также в дальнейшем будут использоваться для формирования генетической базы данных SSR-фингерпринтов для создания ДНК-паспортов сортов сои. Наличие такой базы данных позволит эффективно решать вопросы, связанные с идентификацией образцов сои при возникновении спорных вопросов о их генетической идентичности и сортовой принадлежности.

Список литературы

1. Регламент принятия решения по заявке на выдачу патента на селекционное достижение (Утверждено Государственной комиссией Российской Федерации по испытанию и охране селекционных достижений 10.02.97 г. №12-04/01). URL: http://www.gossort.com/docs/rus/procedure_patent_ru.pdf (дата обращения: 29.03.2022).

2. SoyBase. Integrating Genetics and Genomics to Advance Soybean Research [Электронный ресурс]. URL: <https://soybase.org/> (дата обращения: 10.02.2022).

АНАЛИЗ ЛОКУСОВ, АССОЦИИРОВАННЫХ С ПРИЗНАКАМИ ПРОДУКТИВНОСТИ ЯЧМЕНЯ

**И. В. Розанова^{*1,2}, Ю. Н. Григорьев², В. М. Ефимов², А. В. Игошин²,
Е. К. Хлесткина^{1,2}**

¹Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова, Санкт-Петербург, Россия, *i.rozanova@vir.nw.ru

²Федеральный исследовательский центр Институт цитологии и генетики Сибирского отделения Российской Академии наук, Новосибирск, Россия

SEARCH FOR LOCI ASSOCIATED WITH PRODUCTIVITY TRAITS IN BARLEY

I. V. Rozanova^{*1,2}, Y. N. Grigoriev², V. M. Efimov², A. V. Igoshin², E. K. Khlestkina^{1,2}

¹N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources, St. Petersburg, Russia,
[*i.rozanova@vir.nw.ru](mailto:i.rozanova@vir.nw.ru)

²Federal Research Center Institute of Cytology and Genetics, Siberian Branch of the Russian Academy of Sciences, Novosibirsk, Russia

Ячмень (*Hordeum vulgare* L.) – это одна из важнейших сельскохозяйственных культур, принадлежит к числу наиболее распространенных на земле. Согласно данным 2019 г. (<http://www.fao.org/faostat/ru/>) площадь посевов ячменя в мире составляет 51 млн га, занимая, таким образом, пятое место после пшеницы, кукурузы, риса и сои. В России на площадях, занимаемых ячменем (8,8 млн га), в основном выращивают двурядные формы:

в 2021 году в Государственном реестре селекционных достижений, допущенных к исследованиям, значился 251 сорт яровой культуры ячменя, только 26 из них были шестирядными (<https://gossortrf.ru/>). Шестирядный ячмень обладает многими признаками, полезными для селекционной практики, такими как крепкий стебель, устойчивость к полеганию, устойчивость к болезням (например, шестирядный ячмень имеет преобладающую устойчивость к сетчатой пятнистости). Для дальнейших селекционных работ многообещающей задачей может стать интрогрессия генов, контролирующих эти признаки, в двухрядные сорта. Изучение выборок, содержащих как двухрядные, так и шестирядные формы позволит выявить новые доноры для селекционных программ. Важной задачей является получение максимально возможного урожая с высоким качеством зерна.

Процесс создания новых сортов трудоемок, требует множества полевых испытаний и обычно занимает 12–15 лет. Современные селекционные программы направлены на использование более рациональных и эффективных методов, позволяющих сокращать срок создания нового сорта. В настоящее время активно развиваются полногеномные ассоциативные исследования (genome wide association study, GWAS), которые основаны на выявлении SNP, ассоциированных с желаемым признаком. За последние два десятилетия, с помощью метода GWAS, было значительно расширено генетическое разнообразие доноров для различных признаков.

Целью настоящего исследования является выявление локусов, ассоциированных с признаками продуктивности и оценка влияния генов, контролирующих количество рядов в колосе в исследуемые фенотипы. В работе были исследованы такие важные с экономической точки зрения признаки ячменя, определяющие урожайность, как «длина колоса», «число зерен в главном колосе», «масса 1000 зерен» и «масса зерна главного колоса». Чтобы оценить влияние генов, контролирующих количество рядов в колосе на признак, была рассчитана ковариата. Всего в исследуемой выборке, состоящей из 68 двухрядных и 26 шестирядных сортов ячменя, выявлено 64 SNP на хромосомах 2Н, 4Н и 5Н, которые ассоциированы с признаками продуктивности. Однако, при применении ковариаты в ассоциативном анализе, значимых локусов выявлено не было. Соответственно, статистически значимые ассоциации, выявленные с помощью GWAS, проводимом без учета количества рядов в колосе, свидетельствуют о том, что гены, контролирующие количество рядов в колосе, вносят определяющий вклад в изучаемые характеристики зерновой продуктивности в объединенных выборках.

ФОРМИРОВАНИЕ ГЕНЕТИЧЕСКОЙ КОЛЛЕКЦИИ ЛЬНА И ЕЕ ИСПОЛЬЗОВАНИЕ В СЕЛЕКЦИИ

Т. А. Рожмина*, А. А. Жученко

Федеральный научный центр лубяных культур, Тверь, Россия, *len_rozhmina@mail.ru

FORMATION OF FLAX GENETIC COLLECTION AND ITS USE IN BREEDING

T. A. Rozhmina*, A. A. Zhuchenko

Federal Research Center for Bast Crops, Tver, Russia, *len_rozhmina@mail.ru

Важная роль в решении проблемы сырьевого обеспечения страны натуральным волокнистым сырьем принадлежит селекции льна-долгунца. Биологический потенциал современных отечественных сортов позволяет обеспечить получение урожайности льноволокна на уровне 25 ц/га и выше (Жученко и др., 2009). Одним из основных лимитирующих факторов получения высоких и гарантированных урожаев льна является

поражение его болезнями. К наиболее вредоносным заболеваниям культуры относится фузариозное увядание, основной возбудитель – *Fusarium oxysporum* f.sp. *lini* (Bolley) Snyder et Hansen, при поражении урожай льнопродукции может снижаться до 100% (Лошакова, 2002; Rashid, 2003). В условиях Российской Федерации у данного патогена идентифицировано 16 физиологических рас (Лошакова, 2002). Установлено, что при оптимальном для возбудителя температурном режиме – +26...+28°C может наблюдаться усиление их агрессивности (Рожмина, Лошакова, 2016). Поэтому для обеспечения надежной защиты культуры от данного заболевания необходимы сорта с различными эффективными генами, что позволит создать мозаику сортов при их размещении на территории льносеющих регионов страны. Цель исследований заключалась в формировании генетической коллекции льна по устойчивости к фузариозному увяданию и создании на ее основе сортов с различными R-генами.

Исследования выполнялись с 1998 по 2021 гг. с использованием генофонда льна Федерального научного центра лубяных культур. С помощью методов фитопатологического тестирования линий, выделенных из образцов коллекции льна, и гибридологического анализа F₂, с последующей проверкой по потомству в F₃ на фонах с искусственно-созданной популяцией и отдельными наиболее агрессивными моноизолятами и расами патогенна, у льна нами идентифицировано двенадцать генов устойчивости к фузариозному увяданию, два из которых были известны ранее. Это ген *Fu 2*, выявленный у линии из сорта *Dakota*, и *Fu 3* – обнаруженный у линии из сорта ‘*Punjab*’ (Knowles, Houston, 1955; Knowles, Houston, 1956), который в агроклиматических условиях Российской Федерации селекционной ценности не представляет (Рожмина, 2015). Эффективные гены устойчивости были идентифицированы у следующих генотипов прядильного и масличного льна: ген *Fu 2* – у ‘*Clark*’, л.3 (Голландия) и ‘*Dakota*’, л.8 (США); *Fu 4* – к-5635, л.6 и г-4729, л.3 (Россия), ‘*Atalante*’, л.2 и ‘*Ageco*’, л.4 (Голландия); *Fu 5* – к-65, л.1 (Беларусь) и ‘*Querandi*’, л.1 (Аргентина); *Fu 6* – ‘*Currong*’, л.3 (Австралия); *Fu 7* – ‘*Siciliana*’, л.3 (Италия) и ‘*Roja*’, л.8 (Канада); *Fu 8* – г-2101-4-7 (Россия), ‘*Родник*’, л.8 (Беларусь), Z 95199 (Румыния) и ‘*Honkei 21*’, л.4 (Китай); *Fu 9* – ‘*Родник*’, л.8; *Fu 10* – *Linota*, л.12 (Аргентина), *Fu 12* – ‘*AGT 1538*’ (Чешская Республика), а также у российских современных сортов льна-долгунца *Fu 2* – ‘*Зарянка*’, *Fu 4* – ‘*Росинка*’, *Fu 9* – ‘*Русич*’, *Fu 10* – ‘*Дипломат*’ и *Fu 11* – ‘*Ленок*’.

С целью дальнейшего расширения генетической основы создаваемых сортов были проведены исследования по созданию линий – доноров устойчивости льна-долгунца к фузариозному увяданию с генами устойчивости, отсутствующими у современных сортов. Учитывая, что устойчивость к данному заболеванию у используемых линий контролируется моногенно, то для создания доноров устойчивости применялся метод непрерывного беккрасса, где рекуррентным родителем являлась линия AP 5, которая является рекордсменом по содержанию волокна в стебле (свыше 35%), а также обладает высокой семенной продуктивностью. Скрещивания и выращивания гибридных растений осуществлялось на инфекционном фоне. Среди устойчивых растений проводили жесткую браковку в пользу фенотипа рекуррентного родителя. В результате исследований установлено, что два непрерывных беккрасса оказалось достаточно, чтобы довольно полно приблизить полученный гибридный материал к высокопродуктивному рекуррентному родителю. С использованием выделенных генисточников и разработанной технологической схемы нами созданы сорта льна-долгунца, включенные в Госреестр РФ – ‘*Сурский*’ (в 2016 г.) и ‘*Цезарь*’ (2017 г.) с генами устойчивости *Fu 8* и *Fu 6* соответственно, а также сорт ‘*Девиз*’ с геном *Fu 6*, находящийся на Госсортоиспытании (с 2020 г.). Следует отметить, что выведенные сорта обладают комплексной устойчивостью к основным грибным болезням льна: ‘*Сурский*’ – фузариозному увяданию и ржавчине, ‘*Девиз*’ – фузариозному увяданию, ржавчине и антракнозу, ‘*Цезарь*’ – фузариозному увяданию, ржавчине, антракнозу и пасмо.

Таким образом, у льна в условиях Российской Федерации нами идентифицировано 11 эффективных генов устойчивости к возбудителю *F. oxysporum* f. *lini*, один из которых был известен ранее – ген *Fu 2*. Сформирована коллекция, насчитывающая 23 генисточника прядильного и масличного льна. С использованием разработанной нами генетической технологии созданы сорта льна-долгунца – ‘Цезарь’, ‘Девиз’ и ‘Сурский’ – с генами *Fu 5*, *Fu 6* и *Fu 8* соответственно, которые отсутствуют, у возделываемых в производстве сортов. Полученные сорта обладают комплексной устойчивостью к 2–4 основным грибным болезням льна. Расширение посевов по данным сортами будет способствовать предотвращению опасности эпифитотий не только фузариозного увядания, но и других болезней льна.

*Данная работа выполнена при поддержке Минобрнауки науки по теме государственного задания FGSS-2019 -2016

Список литературы

1. Жученко А.А., Рожмина Т.А., Понажев В.П., Павлова Л.Н. Эколого-генетические основы селекции льна-долгунца. Тверь, 2009. 272 с.
2. Лошакова Н.И. Идентификация рас возбудителя фузариоза льна и определения их вирулентности для целей селекции // Селекция, семеноводство, агротехника, экономика и первичная обработка льна-долгунца. Торжок: ООО «Вариант», 2002. С. 44–47.
3. Рожмина Т.А. Селекционно-ценные гены устойчивости к фузариозному увяданию у льна // Достижения науки и техники АПК. 2015. Т. 29, № 12. С. 47–49.
4. Рожмина Т.А., Лошакова Н.И. Образцы прядильного и масличного льна (*Linum usitatissimum* L.) – источники эффективных генов устойчивости к фузариозному увяданию и ее зависимость от температуры // Сельскохозяйственная биология. 2016. Т. 51, № 3. С. 310–317.
5. Knowles P.F., Houston B.R. Inheritance of Resistance to Fusarium Wilt of Flax in Dakota Selection 48-94 1 // Agronomy Journal. 1955. Vol. 47, No. 1. P. 131–135. DOI:10.2134/AGRONJ1955.00021962004700030006X
6. Knowles P.F., Houston B.R. Inheritance of resistance to fusarium wilt of flax in Punjab 531 // Agronomy Journal. 1956. Vol. 48, No. 3. P. 135–137. DOI: 10.2134/agronj1956.00021962004800030011x
7. Rashid K. Principal diseases of flax // Flax. The genus *Linum* / A.D. Muir, N.D. Westcott (eds.). London: CRC Press, 2003. P. 92–123. DOI: 10.1201/9780203437506.ch5

DH-ТЕХНОЛОГИИ В РОДЕ *ALLIUM* L.

О. В. Романова

Федеральный научный центр овощеводства, Московская область, Россия,
romanova_olga@vniissok.ru

DH-TECHNOLOGIES IN THE GENUS *ALLIUM* L.

O. V. Romanova

Federal Scientific Vegetable Center, Moscow region, Russia, romanova_olga@vniissok.ru

Род *Allium* L. принадлежит к семейству Alliaceae J.K. Agardh. (1858), который объединяет от 500 до 600 видов. Исследования по гаплоидии проводятся, в основном, на луке репчатом *Allium cepa* L. (Шмыкова, 1995; Монахос и др., 2014; Khar et al., 2019).

Отдельные сообщения были сделаны по другим видам: *Allium cepa* var. *aggregatum* J. Don. f., *Allium vavilovii* M.Pop at Vved, *Allium schoenoprasum* L., *Allium fistulosum* L., *Allium altaicum* Pall., *Allium porrum* L., *Allium ampeloprasum* L., *Allium obliquum* L., *Allium tuberosum* Rottl. ex Spreng, *Allium tuncelianum* Kollman, *Allium ramosum* L., *Allium galanthum* Kar. et Kir., *Allium roylei* Stearn.

Биотехнологические методы способствуют переносу хозяйственно важных генов от диких к культурным видам. Особенно ценными признаками являются устойчивость к: латентному вирусу лука-шалота и вирусу желтой карликовости лука; грибным инфекциям: белой гнили (*Sclerotium cepivorum* Berk.), ложной мучнистой росе (*Peronospora destructor* [Berk.] Casp.), розовой корневой гнили (*Phoma terrestris* Hansen), серой гнили и фузариозу; и насекомым: луковому трипсу (*Thrips tabaci* Lind.) и луковой мухе [*Delia antiqua* (Meigen)].

Исследования по ускорению процесса создания генетического разнообразия с помощью удвоенных гаплоидов (DHs) описаны для 384 видов (Seguí-Simarro, 2021). Главной задачей является получение гаплоидных растений (Hs), имеющих гаметофитное число хромосом. Гаплоидные растения (Hs) после удвоения хромосом (DHs) используются для создания гомозиготных линий.

Луковые растения неотзывчивы к андрогенезу. Для получения DHs в луке был успешно использован гиногенез. Гаплоидия на луковых культурах и последующее удвоение хромосом имеют большие перспективы. Поскольку очень трудно получать гомозиготные инбредные линии из-за двухлетнего периода генерации, остаточной гетерозиготности и высокой инбредной депрессии.

Хэйви и Боханец (Havey, Bohanec, 2007) использовали «Луковый гаплоид ОН-1» для дальнейшего создания гиногенных гаплоидных растений лука. DH-линии применяют в геномных исследованиях: На DH-линии CUDH 2150 (Alan et al., 2014) была разработана карта сцепления для определения QTL содержания фруктана (Frc) и генетического локуса (R), определяющего красный цвет луковицы (Baldwin et al., 2012). Дуангджит и другие (Duangjit et al., 2014) использовали два растения DHs, 5225 и ОН1, для секвенирования транскриптома при получении генетических карт лука на основе SNP и выявления QTL на хромосомах 1, 4 и 8, которые влияют на концентрацию антоциана в луковице. Красную мужски фертильную DH-линию Н6 использовали для разработки простых и эффективных ПЦР-маркеров, связанных с геном восстановителя фертильности (локус Ms) (Kim et al. 2015).

Сложность геномных исследований на луковых культурах связана с биологической природой и огромным размером генома лука (16,3 Гб на 1 ядро), который характеризуется высокой частотой дублирования рецессивных летальных аллелей, которые остаются замаскированными в гетерозиготном состоянии, и поддержанием популяции лука свободным опылением.

Ощутимое влияние этой DH-технологии на фундаментальные и прикладные исследования заключается в разработке высокоэффективной, последовательной и независимой от генотипа системы получения гаплоидных растений. Важнейшими факторами, определяющими эффективность технологии удвоенных гаплоидов являются эмбриогенный потенциал донорского генотипа, эффективная техника диплоидизации и способность к прямому развитию эмбриона в растение. Многие генотипы лука из разных географических мест произрастания, с разным требованием к продолжительности дня и разного генетического происхождения (инбредное потомство, синтетическое потомство, поколение после открытого опыления) оказались менее чувствительными к гиногенезу. Генетическая основа для такой разнообразной реакции разных генотипов пока неизвестна. Существует необходимость в выявлении геномных областей и генов, влияющих на гиногенную отзывчивость у высокочувствительных генотипов. Необходимо тщательно изучить способ наследования желательных аллелей, участвующих во всех важнейших фазах. Должны быть детально проработаны технологические отличия DHs на различных линиях лука с точки зрения их морфологических признаков, однородности, продуктивности

и их преимущества при получении гибридов лука по сравнению с традиционными методами как для длиннодневных, так и короткодневных генотипов лука.

Список литературы

1. Монахос С.Г., Богданова В.Д., Ветчинкина Е.М. Создание чистых линий – удвоенных гаплоидов лука репчатого (*Allium cepa* L.) и селекция F₁-гибридов на основе современных методов биотехнологии: методические рекомендации. Москва, 2014. 44 с.
2. Шмыкова Н.А. Культура пыльников, неопылённых завязей и семяпочек лука репчатого // Научные труды по селекции и семеноводству. Москва, 1995. Т. 1. С. 164–170.
3. Alan A.R., Kaska A., Celebi-Toprak F. Production of fully homozygous genotypes from various edible *Alliums* // International Journal of Secondary Metabolite. 2014. Vol. 1, iss. 1. P. 77.
4. Baldwin S., Pither-Joyce M., Wright K., Chen L., McCallum J. Development of robust genomic simple sequence repeat markers for estimation of genetic diversity within and among bulb onion (*Allium cepa* L.) populations // Molecular Breeding. 2012. Vol. 30, No. 3. P. 1401–1411. DOI: 10.1007/s11032-012-9727-6
5. Duangjit J., Welsh K., Wise M.L., Bohanec B., Havey M.J. Genetic analyses of anthocyanin concentrations and intensity of red bulb color among segregating haploid progenies of onion // Molecular Breeding. 2014. Vol. 34, No. 1. P. 75–85.
6. Havey M.J., Bohanec B. Onion Inbred Line ‘B8667 A&B’ and Synthetic Populations ‘Sapporo-Ki-1 A&B’ and ‘Onion Haploid-1’ // HortScience. 2007. Vol. 42, Iss. 7. P. 1731–1732.
7. Khar A., Islam S., Kalia P., Bhatia R., Kumar A. Present status of haploidy research in onion (*Allium cepa*) – a review // Indian Journal of Agricultural Sciences. 2019. Vol. 89, No. 3. P. 396–405.
8. Kim S., Kim C.W., Park M., Choi D. Identification of candidate genes associated with fertility restoration of cytoplasmic male-sterility in onion (*Allium cepa* L.) using a combination of bulked segregant analysis and RNA-seq // Theoretical and Applied Genetics. 2015. Vol. 128, No. 11. P. 2289–2299.
9. Seguí-Simarro J.M., Moreno J.B., Fernández M.G., Mir R. Species with haploid or doubled haploid protocols // Doubled haploid technology. J.M. Segui-Simarro (ed.). Humana Press, 2021. Vol. 1. P. 41–103. (MIMB ; vol. 2287). DOI: 10.1007/978-1-0716-1315-3_3

НОМЕНКЛАТУРНЫЕ СТАНДАРТЫ СОРТОВ КАРТОФЕЛЯ СЕЛЕКЦИИ ОМСКОГО АГРАРНОГО НАУЧНОГО ЦЕНТРА В КОЛЛЕКЦИИ ВИР

Д. Р. Рыбаков*¹, О. Ю. Антонова¹, А. И. Черемисин², Т. А. Гавриленко¹

¹Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова, Санкт-Петербург, Россия, *da-rybakov@inbox.ru

²Омский аграрный научный центр, Омск, Россия

NOMENCLATURE STANDARDS OF POTATO VARIETIES BRED AT OMSK AGRICULTURAL SCIENTIFIC CENTER IN THE VIR COLLECTION

D. A. Rybakov*¹, O. Yu. Antonova¹, A. I. Cheremisin², T. A. Gavrilenko¹

¹N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources, St. Petersburg, Russia,
*da-rybakov@inbox.ru

²Omsk Agricultural Research Center, Omsk, Russia

Первые работы по селекции картофеля в Омске начались в 1919 году и были связаны с клоновыми отборами из местного материала, в котором преобладало потомство сорта

‘Ранняя Роза’. С конца 1930-х годов селекционные работы проводились на базе Сибирского НИИ Сельского Хозяйства. В разное время здесь работали известные селекционеры картофеля: Л. В. Катин-Ярцев, Л. И. Иванова, Б. Н. Дорожкин, создавшие ряд сортов, адаптированных к условиям Западной Сибири. Главными приоритетами в сибирской селекции были раннеспелость, приспособленность к условиям региона, устойчивость к вирусным болезням (Дорожкин, Дергачева, 2001). В последнее время большое внимание уделяется созданию сортов, устойчивых к золотистой картофельной нематоде.

Сорта картофеля, выведенные для условий Западной Сибири, передаются во Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова» (ВИР), где недавно стало развиваться новое направление по созданию номенклатурных стандартов отечественных сортов, регистрации их в Гербарии ВИР (WIR) в соответствии с Международным кодексом номенклатуры культурных растений (Brickell et al., 2016) и разработке генетических паспортов сортов (Гавриленко, Чухина, 2020; Антонова и др., 2020; Клименко и др., 2020; Рыбаков и др., 2020; Фомина и др., 2020). В сотрудничестве с селекционером Омского АНЦ, соавтором ряда сортов картофеля – А. И. Черемисиным, были оформлены и зарегистрированы в Гербарии ВИР номенклатурные стандарты сортов – ‘Алена’ (WIR-101814), ‘Былина Сибири’ (WIR-101815), ‘Триумф’ (WIR-101817), ‘Хозяюшка’ (WIR-101818), а также ваучерный образец предсорта ‘Вечерний Омск’ (WIR-101815). Эти образцы были введены в *in vitro* коллекцию ВИР и будут включены в программу по криоконсервации. Для всех этих образцов разрабатываются генетические паспорта с использованием 8 SSR-маркеров и 15 маркеров R-генов устойчивости.

Список литературы

1. Антонова О.Ю., Клименко Н.С., Рыбаков Д.А., Фомина Н.А., Желтова В.В., Новикова Л.Ю., Гавриленко Т.А. SSR-анализ современных Российских сортов картофеля с использованием ДНК номенклатурных стандартов // Биотехнология и селекция растений. 2020. Т. 3, № 4. С. 77–96. DOI: 10.30901/2658-6266-2020-4-02
2. Гавриленко Т.А., Чухина И.Г. Номенклатурные стандарты современных российских сортов картофеля, хранящиеся в гербарии ВИР (WIR): новые подходы к регистрации сортового генофонда в генбанках // Биотехнология и селекция растений. 2020. Т. 3, № 3. С. 6–17. DOI: 10.30901/2658-6266-2020-3-02
3. Дорожкин Б.Н., Дергачева Н.В. Ретроспектива селекции картофеля в СибНИИСХ: 1919-1999 гг. // Омские ученые – картофелеводы: Результаты исследований 90-х годов по селекции, семеноводству и механизации возделывания. Омск: Изд-во ОмГАУ, 2001. С. 1–6.
4. Клименко Н.С., Гавриленко Т.А., Чухина И.Г., Гаджиев Н.М., Евдокимова З.З., Лебедева В.А. Номенклатурные стандарты и генетические паспорта сортов картофеля селекции Ленинградского НИИСХ «Белогорка» // Биотехнология и селекция растений. 2020. Т. 3, № 3. С. 18–54. DOI: 10.30901/2658-6266-2020-3-03
5. Рыбаков Д.А., Антонова О.Ю., Чухина И.Г., Фомина Н.А., Клименко Н.С., Желтова В.В., Мелешин А.А., Кочиева Е.З., Овэс Е.В., Апшев Х.Х., Симаков Е.А., Гавриленко Т.А. Номенклатурные стандарты и генетические паспорта сортов картофеля селекции Всероссийского научно-исследовательского института картофеля им. А.Г. Лорха // Биотехнология и селекция растений. 2020. Т. 3, № 4. С. 5–52. DOI: 10.30901/2658-6266-2020-4-01
6. Фомина Н.А., Антонова О.Ю., Чухина И.Г., Гимаева Е.А., Сташевски З., Гавриленко Т.А. Номенклатурные стандарты и генетические паспорта сортов картофеля селекции Татарского НИИСХ «Казанский научный центр РАН» // Биотехнология и селекция растений. 2020. Т. 3, № 3. С. 55–67. DOI: 10.30901/2658-6266-2020-3-04

7. Brickell C.D., Alexander C., Cubey J.J., David J.C., Hoffman M.H.A., Leslie A.C., Malécot V., Xiaobai Jin (eds). International code of nomenclature for cultivated plants. Ed. 9. Scripta Horticulturae. 2016. 18:I-XVII+1-190.

ИЗМЕНЧИВОСТЬ СОСТАВА АЛКАЛОИДОВ В ЛЮПИНЕ УЗКОЛИСТНОМ (*LUPINUS ANGUSTIFOLIUS* L.) В УСЛОВИЯХ ЛЕНИНГРАДСКОЙ ОБЛАСТИ

А. В. Саликова (А. В. Кушнарева)

Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова, Санкт-Петербург, Россия, kushnareva.vir@gmail.com

VARIABILITY OF ALKALOID COMPOSITION IN NARROW-LEAVED LUPINE (*LUPINUS ANGUSTIFOLIUS* L.) IN LENINGRAD REGION CONDITIONS

A. V. Salikova (A. V. Kushnareva)

¹ N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources, St. Petersburg, Russia, kushnareva.vir@gmail.com

Люпин узколистый – зернобобовая культура кормового, пищевого и сидерационного, декоративного назначения. Данная культура отличается высоким содержанием белка, низким содержанием антипитательных веществ, характерных для семейства Fabaceae – непротеиногенных аминокислот и ингибиторов трипсина – а также возможностью возделывания при сравнительно низких температурах (Агеева, Почутина, 2018), что позволяет возделывать данную культуру в условиях северо-запада РФ.

Пищевое и кормовое применение люпина узколистного ограничено повышенным содержанием в ниххинолизидиновых алкалоидов – вторичных метаболитов, токсичных для человека и сельскохозяйственных животных и ухудшающих пищевые качества сырья. Селекция пищевого и кормового люпина ведется в направлении снижения содержания алкалоидов и одновременно повышения устойчивости к заболеваниям. С другой стороны, алкалоиды люпина обладают потенциалом для использования в фармацевтической промышленности – исследуется их противодиабетическая, противопаразитарная, противоопухолевая активность (Вишнякова и др., 2020)

Для определения назначения того или иного образца и выбора генетического материала для селекции люпина необходим точный анализ суммарного содержания алкалоидов в сырье, получаемом из люпина, и содержания индивидуальных алкалоидов. Нами было проведено исследование 59 образцов из коллекции ВИР, репродуцированных в течение двух полевых сезонов (2019–2020 г.) в г. Пушкин Ленинградской обл. В выборку были включены образцы, происходящие из разных стран и различные по содержанию алкалоидов (по предварительным данным каталогов коллекции ВИР). Образцы выращивали по методике, принятой для зернобобовых культур. В 2019 г. сумма осадков за период активной вегетации была на 118 мм, или в 1,7 раза меньше, чем 2020 г. при сравнимой теплообеспеченности – суммы активных температур выше 10°C составили 1966°C в 2019 и 2052°C в 2020. Анализ проводили методом газожидкостной хроматографии, сопряженной с масс-спектрометрией. Был выбран оптимальный способ пробоподготовки – экстракции алкалоидов этилацетатом с добавлением водного раствора щелочи (Кушнарева и др., 2020).

Качественный состав алкалоидов во всех исследованных образцах был одинаков. Всего в образцах обнаружено пять алкалоидов: люпанин, 13-гидроксилюпанин, спартеин, ангустифолин, изолюпанин. Доминировал во всех образцах алкалоид люпанин. Суммарное содержание алкалоидов в образцах в 2019 г. варьировало от 4 до 2017 мг/100 г, в образцах

2020 года репродукции – от 1,7 до 1998 мг/100 г. В 51 исследованном образце суммарное содержание алкалоидов было выше в 2020 году, чем в 2019, однако в 8 образцах содержание алкалоидов снизилось. В 28 образцах 2019 года суммарное содержание алкалоидов было ниже 40 мг/100 г сухого вещества, что соответствует стандартам для пищевого сырья в России. Среди образцов 2020 года таковых было 30.

Таким образом, данные по двум годам изучения показали зависимость содержания алкалоидов в семенах люпина от условий года, что характерно и для других биохимических признаков растений.

С учетом данных о продуктивности данных образцов и их устойчивости к наиболее распространенным заболеваниям люпина узколистного, полученные данные важны для выбора генетического материала из коллекции ВИР для селекции пищевого узколистного люпина.

Список литературы

1. Агеева П.А., Почутина Н.А. Результаты испытания сортов узколистного люпина // Зернобобовые и крупяные культуры. 2018. №. 3 (27). С. 77–81.
2. Вишнякова М.А., Кушнарёва А.В., Шеленга Т.В., Егорова Г.П. Алкалоиды люпина узколистного как фактор, определяющий альтернативные пути использования и селекции культуры // Вавиловский журнал генетики и селекции. 2020. Т. 24, №. 6. С. 625–635.
3. Кушнарёва А.В., Шеленга Т.В., Перчук И.Н., Егорова Г.П., Малышев Л.Л., Керв Ю. А., Шаварда А.Л., Вишнякова М.А. Выбор оптимального метода скрининга генофонда люпина узколистного из коллекции ВИР по качественному и количественному составу алкалоидов семян // Вавиловский журнал генетики и селекции. 2020. Т. 24, №. 8. С. 829–835.

ЛАБИЛЬНОСТЬ ВИРУЛЕНТНОСТИ ФИТОПАТОГЕННЫХ ГРИБОВ: СЛЕДСТВИЯ ДЛЯ ПРАКТИКИ

Л. Г. Тырышкин

Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова, Санкт-Петербург, Россия, tyryshkinlev@rambler.ru

LABILITY OF VIRULENCE IN PHYTOPATHOGENIC FUNGI: CONSEQUENCES FOR PRACTICE

L. G. Tyryshkin

N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources, St. Petersburg, Russia, tyryshkinlev@rambler.ru

Согласно современным представлениям, вирулентность грибных фитопатогенов – признак с крайне узкой нормой реакции. В то же время в наших исследованиях было доказано, что размах варьирования вирулентности под действием различных абиотических факторов среды ничуть не уже, чем варьирование, обусловленное генетическими факторами. Из этого факта следовало несколько важных научных выводов. 1. Фенотипические проявления вирулентности/авирулентности к определенному генотипу растения у фитопатогенов в полевых условиях не являются константными, но зависят от физических и химических факторов внешней среды. 2. Взаимоотношение «ген-на-ген» (точнее «аллель-на-аллель») является только частным случаем взаимодействия растений-

хозяев и их патогенов. 3. Одна пустула патогена, являющаяся потомством одной споры, может продуцировать в разных условиях споры с разным спектром вирулентности.

Помимо важных научных выводов, знания о лабильности вирулентности фитопатогенов с нашей точки зрения представляют интерес и для практической работы, в том числе и в области изучения генетических ресурсов растений по эффективной устойчивости к вредоносным болезням. Ниже перечислены некоторые из направлений этой работы, в которых необходимо учитывать либо использовать зависимость фенотипического проявления вирулентности от факторов среды.

1. Во многих работах указывается на необходимость изучения частот вирулентности к конкретным генам устойчивости растений в популяциях фитопатогенов из разных регионов возделывания их хозяев. Достаточно очевидно, что выявленные в стабильных лабораторных условиях частоты не имеют ничего общего с таковыми в изменяющихся полевых условиях.

2. Несмотря на доказанное во многих исследованиях несовпадение результатов оценки устойчивости интактных проростков и отрезков листьев на бензимидазоле, второй метод активно рекламируется в отечественной литературе как надежный для выделения источников эффективной ювенильной резистентности. Нами показано для ряда фитопатогенов изменение с высокой частотой вирулентности на авирулентность под действием этого химиката.

3. Во многих работах как отечественных, так и зарубежных исследователей проводится изучение устойчивости образцов конкретной культуры к единичным изолятам вредных организмов (иногда довольно случайным, а, в ряде случаев, обозначаемых как представляющих доминирующую в конкретном регионе расу), а также изучение генетического контроля такого рода устойчивости. Лабильность вирулентности указывает на то, что, изменяя условия внешней среды, можно «сделать» устойчивым к ряду генотипов патогена практически каждый генотип хозяина и изучение такой устойчивости и ее наследования приведет к абсурдной ситуации.

4. Зависимость вирулентности патогенов от факторов внешней среды указывает на то, что для надежного выделения источников эффективной резистентности ко многим болезням необходима полевая оценка устойчивости в течение 3-4 лет на искусственных инфекционных фонах и 9-12 лет при отсутствии искусственного заражения. Игнорирование этого требования приводит к выделению и описанию в литературе многочисленных источников резистентности, которые таковыми не являются.

5. Изменение авирулентности некоторых клонов возбудителей ржавчин зерновых культур (в частности, листовой ржавчины пшеницы) на вирулентность к эффективным генам устойчивости под действием ряда химических веществ позволяет достаточно быстро и надежно создавать и, главное, отбирать в гибридных популяциях, растения и линии с двумя эффективными генами резистентности. Этим методом получены линии мягкой пшеницы, имеющие комбинации генов *Lr 24+9* и *Lr 47+9*.

6. Зависимость вирулентности и агрессивности возбудителей болезней от элементов минерального питания открывает возможность снижения пораженности растений патогенами в результате обработки растений растворами различных солей, в первую очередь азота и фосфора, в относительно низких дозах. Оптимальные концентрации и соотношение солей для каждого сорта должны подбираться экспериментально. Эффективность такой обработки в снижении развития ржавчин, мучнистой росы, листовых пятнистостей показана для многих сортов зерновых культур. Пример снижения развития ржавчин на проростках ячменя, овса и пшеницы в результате такой обработки представлен на рисунке.

Работа выполнена в рамках государственного задания согласно тематическому плану ВИР по теме № 0481-2022-0001 «Структурирование и раскрытие потенциала наследственной изменчивости мировой коллекции зерновых и крупяных культур ВИР для

развития оптимизированного генбанка и рационального использования в селекции и растениеводстве».

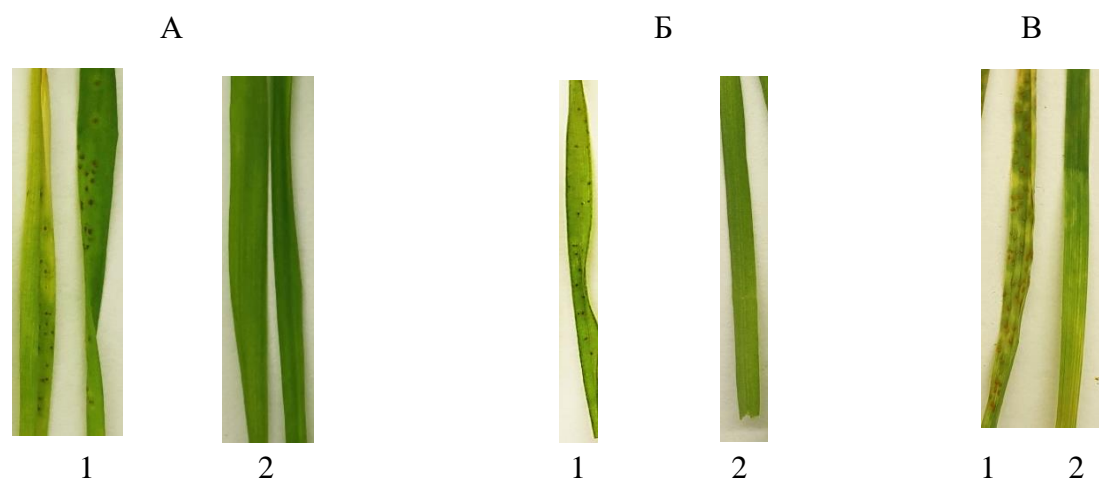


Рисунок. Поражение проростков сортов зерновых культур ржавчинами: А – сорт ячменя ‘Эльф’, карликовая ржавчина; Б – сорт пшеницы ‘Камышинская’, листовая ржавчина пшеницы; В – сорт овса ‘Сиг’, корончатая ржавчина. 1 – контроль, без обработки. 2 – обработка смесью аммиачной селитры и фосфата натрия до заражения возбудителями ржавчин

БИОЛОГИЧЕСКИЙ ПОТЕНЦИАЛ ИММУННЫХ К ПАРШЕ СОРТОВ ЯБЛОНИ В ГЕНЕТИЧЕСКОЙ КОЛЛЕКЦИИ КРЫМСКОЙ ОСС ФИЛИАЛА ВИР

И. С. Чепинога, А. В. Тихонова

Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова, Крымская опытно-селекционная станция – филиал ВИР, Крымск, Россия, kross67@mail.ru

BIOLOGICAL POTENTIAL OF APPLE VARIETIES IMMUNE TO SCAB IN THE GENETIC COLLECTION OF THE KRYMSK EBS OF VIR

I. S. Chepinoga, A. V. Tikhonova

N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources, Krymsk Experiment Breeding Station of VIR, Krymsk, Russia, kross67@mail.ru

Яблоня занимает одно из ведущих мест в агроценозе Российской Федерации. Площадь под ее насаждениями в промышленном секторе садоводства в 2021 г. составили 142,4 тыс. га (Российский рынок..., 2022). Интенсификация производства плодовой продукции предполагает быстрое освоение новых отечественных иммунных к парше (*Venturia inaequalis* (Cooke) Wint.) сортов яблони, что позволит снизить пестицидную нагрузку, получить экологически безопасную свежую и консервированную продукцию (Savelyeva, Saveliev, 2015). В селекционных НИУ юга России (СКФНЦСВВ совместно с ВНИИСПК, Крымская ОСС – филиал ВИР) созданы новые сорта яблони с олигогенной (ген V_f) и полигенной (гены V_f , V_m) устойчивостью к парше (Ульяновская, Богданович, 2018).

На Крымской ОСС, расположенной в Западной подзоне Предгорной зоны Краснодарского края собран, поддерживается и проходит испытание генофонд яблони, насчитывающий 220 сортообразцов. В составе коллекции – 43 сорта с генно-обусловленным иммунитетом к самому вредоносному заболеванию для яблони – парше. В 2014–2021 гг. изучали 13 иммунных к парше сортов региональной селекции. Они

произрастают в саду на клоновом подвое М 9, при схеме размещения 4,0 × 1,5 м, год посадки 2010. Сорта яблони оценивали по потребительским качествам свежих плодов и сока по общепринятым методикам. Экспериментальные данные обработаны методом дисперсионного анализа.

Из комплекса товарно-потребительских качеств плодов яблони наиболее важные: масса плода, его внешний вид (сочетание формы, величины, основной и покровной окраски, блеска кожицы яблок), вкус и плотность мякоти. Качественные показатели плодов оценивали в период съемной зрелости по 5-балльной шкале.

В результате однофакторного дисперсионного анализа по массе плода выявлены существенные различия между сортами ($F_{А6,1} > F_{095,1,8}$). Согласно современным требованиям к качеству плодов яблони коммерческий интерес представляют более крупноплодные (массой 200–220 г) сорта: ‘Союз’ ($225,4 \pm 35,4$ г) к-45013, ‘Лето красное’ ($201,2 \pm 42,0$ г) к-40754. Крупные плоды со средней массой в пределах 180–199 г отмечают у сортов: ‘Фортуна’ ($182,8 \pm 30,7$ г) к-45023, ‘Красный Янтарь’ ($183,1 \pm 21,2$ г) к-44993, ‘Талисман’ ($184,2 \pm 27,0$ г) к-45021, ‘Кубаночка’ ($190,4 \pm 33,7$ г) к-45349. Выше названные сорта рекомендуются как источники крупноплодности и как перспективные сорта для культивирования в южной зоне плодоводства России. Особо привлекательный внешний вид плодов (4,7–4,9 баллов) характерен красноплодным сортам – ‘Красный Янтарь’, ‘Рассвет’, ‘Щедрость’, ‘Кубаночка’, ‘Талисман’; с красным размытым румянцем на солнечной стороне плода – ‘Лето Красное’, ‘Василиса’, ‘Союз’; желтоплодным – ‘Белое Солнце’ (к-44979), ‘Золотой Поток’ (к-40746).

Отличный, сбалансированный, ярко выраженный вкус, плотная, хрустящая, сочная, ароматная мякоть (со средним баллом 4,7–4,9) выявлены у сортов – ‘Талисман’, ‘Василиса’, ‘Красный Янтарь’, ‘Кубаночка’, ‘Щедрость’, ‘Лето Красное’.

Пищевые и питательные достоинства плодов определяются их химическим составом. Максимальное влияние на вкусовые качества плодов оказывают количество сухих веществ и сбалансированность сахарокислотного индекса. По комплексу биохимических показателей – содержанию растворимых сухих веществ (12,5–17,8%), сахаров (9,9–12,8%), суммы органических кислот (0,53–0,78%), сбалансированному их составу (сахаро-кислотный индекс 16,1–19,4 о.е.) и витамина С (7,2–12,0 мг/100 г) – выделены сорта – источники ценных признаков химического состава плода: ‘Фортуна’, ‘Красный Янтарь’, ‘Рассвет’, ‘Василиса’, ‘Кубаночка’, ‘Золотой Поток’, ‘Щедрость’ (рисунок).

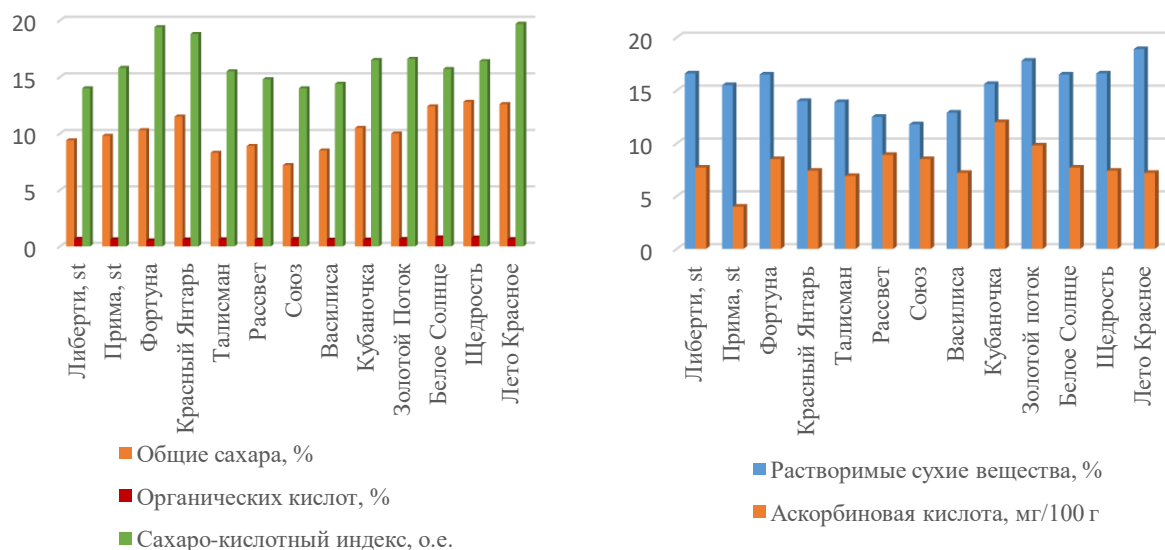


Рисунок. Химический состав плодов иммунных к парше сортов яблони

Из плодов яблони изготавливают высококачественные осветленные соки, которые высоко ценятся за отменный вкус и ярко выраженный специфический аромат. Особенно ценны они для детского питания. Изготовленный из изучаемых сортов сок оценивали по окраске и вкусу. По средней оценке качественных характеристик сок имеет существенные различия по сортам ($F_{A1,91} > F_{0951,5}$). В группу сортов с наиболее высокими показателями качества сока, превышающими контрольные ('Либерти', $st\ 4,56 \pm 0,21$, к-40698), как источники высоких консервных качеств вошли осенние сорта: 'Фортуна' ($4,84 \pm 0,19$) и Василиса ($4,74 \pm 0,17$); летние ('Прима', $st\ 4,51 \pm 0,09$, к-40696) – 'Белое Солнце' ($4,68 \pm 0,10$), 'Щедрость' ($4,77 \pm 0,15$), 'Лето Красное' ($4,74 \pm 0,05$), 'Рассвет' ($4,69 \pm 0,25$), 'Союз' ($4,67 \pm 0,11$).

По комплексу товарно-потребительских качеств плодов как перспективные для производственных посадок на юге России выделены иммунные к парше сорта региональной селекции: 'Союз', 'Фортуна', 'Красный Янтарь', 'Талисман', 'Рассвет', 'Василиса', 'Лето Красное', 'Щедрость', 'Кубаночка'. Выше названные сорта яблони представляют так же ценность как источники для селекционных программ на высокое качество плодов с большой вероятностью получения иммунных к парше генотипов.

Работа выполнена на коллекции генетических ресурсов растений ВИР в рамках государственного задания по тематическому плану ВИР по проекту № 0481-2022-0004.

Список литературы

1. Российский рынок яблок в 2001–2021 г. Экспертно-аналитический центр агробизнеса. URL: <https://ab-centre.ru/news/1>
2. Ульяновская Е.В., Богданович Т.В. Генетические ресурсы для селекционного совершенствования яблони // Плодоводство и виноградарство юга России. 2018. № 5(3). С. 1–14. DOI: 10.30679/2219-5335-2018-3-51-1-14
3. Saveljeva N.N., Saveliev N.I. Продуктивность и экономическая эффективность новых сортов яблони с генетической устойчивостью к парше // Materialy XI Mezinarodni vedecko-prakticka conference «DNY VĚDY-2015». Dil 17 Zemepis a geologie. Zemědělství.: Praha, Publishing House «Education and Science» s.r.o. 2015. P. 71–72.

ИЗУЧЕНИЕ ИЗОГЕННОЙ ЛИНИИ СОРТА БЕЗОСТАЯ 1 С ДОМИНАНТНЫМ АЛЛЕЛЕМ *VRN-A1L*

Е. В. Чуманова*, Т. Т. Ефремова

Федеральный исследовательский центр Институт цитологии и генетики Сибирского отделения Российской академии наук, Новосибирск, Россия, *chumanova@bionet.nsc.ru

STUDY OF ISOGENIC LINE OF BEZOSTAYA 1 CULTIVAR WITH DOMINANT ALLELE *VRN-A1L*

E. V. Chumanova*, T. T. Efremova

Federal Research Center Institute of Cytology and Genetics of the Siberian Branch of the Russian Academy of Sciences, Novosibirsk, Russia, *chumanova@bionet.nsc.ru

Для злаковых культур, в том числе пшеницы, время колошения является агрономически важным признаком, позволяющим растениям адаптироваться к определенным природно-климатическим условиям, обуславливая устойчивость к стрессовым факторам и высокую продуктивность (Cockram et al., 2007; Kamran et al.,

2014). Основными генетическими системами, инициирующими начало цветения и переход пшеницы от вегетативной к генеративной стадии развития, являются гены реакции на яровизацию (*VRN*) и чувствительности к фотопериоду (*PPD*). Известно, что генетическое разнообразие пшеницы по времени колошения и цветения определяется четырьмя основными генами *VRN* (*VRN-1*, *VRN-2*, *VRN-3* и *VRN-4*), которые, в свою очередь, представлены серией аллелей. Важным вопросом является не только описание различных аллельных вариантов генов *VRN* пшеницы, которому посвящено большое количество работ, но и изучение влияния разных аллелей, ассоциированных со структурными изменениями в структурных и регуляторных областях генов, на сроки наступления колошения и цветения.

Поскольку известно на настоящий момент генетическое разнообразие мягкой пшеницы описывается небольшим числом аллелей среди известных генов *VRN*, обнаруженных у диплоидных и тетраплоидных злаков, то актуальным является перенос аллелей генов *VRN* от диких видов пшеницы для более полного изучения влияния этих аллелей на продолжительность вегетационного периода и получения генотипов, которые могут представлять интерес в том числе и для целей селекции. Авторами получена изогенная линия озимого сорта 'Безостая 1' (Без1) с ранее не идентифицированным доминантным аллелем *Vrn-A1^{pet}* от образца *T. petropavlovskyi* (KIZ) Udacz. et Migusch из коллекции ВИР.

Поэтому, необходимо было определить первичную структуру аллеля *Vrn-A1^{pet}* и сравнить с известными последовательностями *VRN-A1*. С использованием пары праймеров Ex1/C/F и Intr1/A/R3 (Yan et al., 2003) у *T. petropavlovskyi* (KIZ) и i:Без1 *Vrn-A1^{pet}* амплифицировался ПЦР-продукт размером 522 п.н., который указывает на присутствие делеции 7222 п.н. «Langdon», впервые описанной у *T. durum*, которая ранее обнаружена только у некоторых видов тетраплоидных пшениц (Fu et al., 2005; Shcherban et al., 2015) (рис. 1, а). При использовании пары праймеров VRN1AF и VRN1-INT1R (Fu et al., 2005) для определения аллельных вариантов промотора *Vrn-A1* амплифицировался ПЦР-продукт размером 734 п.н., характерный для интактного промотора *vrn-A1* (рис. 1, б.). Далее фрагменты ПЦР были выделены из агарозного геля и проведено определение нуклеотидной последовательности при помощи автоматического секвенирования в ЦКП «Геномика» СО РАН. Последовательности оказались полностью идентичными последовательностям промотора *vrn-A1* и первого интрона *Vrn-A1L*. Таким образом, идентифицированная нами изогенная линия обозначена i:Без1 *Vrn-A1L*.

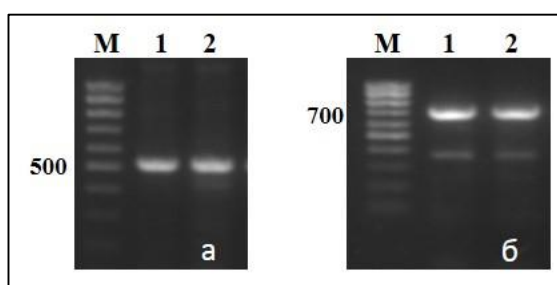


Рис. 1. Продукты амплификации с праймерами: Ex1/C/F и Intr1/A/R3 (а) и VRN1AF и VRN1-INT1R (б) для областей промотора и первого интрона: 1 – *T. petropavlovskyi* (KIZ), 2 – i:Без1 *Vrn-A1L*; М – маркер длины

Поскольку доминантный аллель *Vrn-A1L* ранее не был обнаружен у образцов мягкой пшеницы, представляет интерес установление его влияния на продолжительность вегетационного периода. Проведено сравнительное изучение в полевых условиях

продолжительности фаз развития у линий сорта Без1. Изогенная линия *i:Без1Vrn-A1L*, также как и донор этого аллеля, *T. petropavlovskiyi*, оказались более позднеспелыми по сравнению с изогенной линией *i:Без1Vrn-A1a*. Она выколашивалась за 49–60 дней от всходов в зависимости от года, что на 7–17 дней позже по сравнению с *i:Без1Vrn-A1a* ($p < 0,001$), что связано с увеличением периода «всходы-первый узел» на 6–17 дней ($p < 0,001$) (рис. 2). Таким образом установлено, что доминантный аллель *Vrn-A1L* обуславливает более позднее колошение относительно аллеля *Vrn-A1a*.

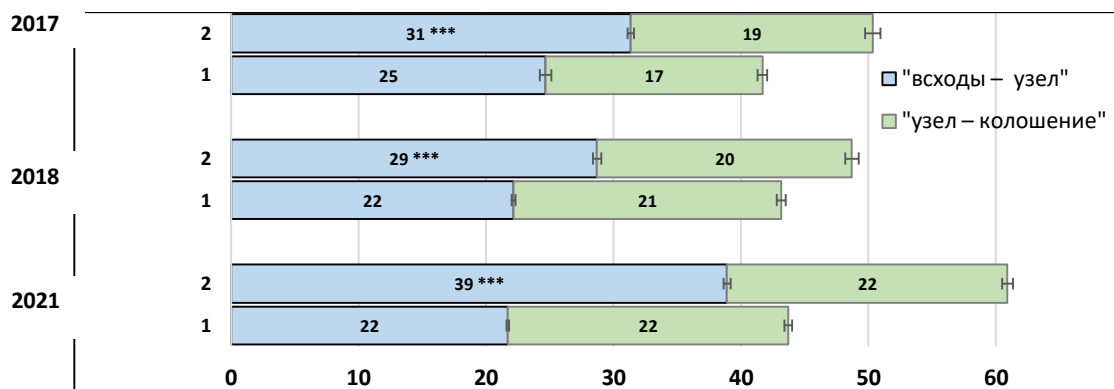


Рис. 2. Продолжительность периодов всходы-первый узел и первый узел-колошение у изогенных линий сорта Без1: *i:Без1Vrn-A1a* (1) и *i:Без1Vrn-A1L* (2)

Проведена оценка влияния аллеля *Vrn-A1L* на продуктивность в полевых условиях 2018 г. Линия *i:Без1Vrn-A1L* оказалась более продуктивной по сравнению с *i:Без1Vrn-A1a* по практически всем изученным признакам, в особенности по числу зерен с колоса и числу и массе зерен с растения, что может быть связано с более продолжительным вегетационным периодом линии *i:Без1Vrn-A1L*.

Работа выполнена при финансовой поддержке гранта РФФИ №22-26-00085.

Список литературы

1. Cockram J., Jones H., Leigh F.J. et al. Control of flowering time in temperate cereals: Genes, domestication, and sustainable productivity // *Journal of Experimental Botany*. 2007. Vol. 58, No. 6. P. 1231–1244. DOI: 10.1093/jxb/erm042
2. Fu D., Szucs P., Yan L. et al. Large deletions within the first intron in *VRN-1* are associated with spring growth habit in barley and wheat // *Molecular Genetics and Genomics*. 2005. Vol. 273. P. 54–65. DOI: 10.1007/s00438-004-1095-4
3. Kamran A., Iqbal M., Spaner D. Flowering time in wheat (*Triticum aestivum* L.): a key factor for global adaptability // *Euphytica*. 2014. Vol. 197. P. 1–26. DOI: 10.1007/s10681-014-1075-7
4. Shcherban A.B., Strygina K.V., Salina E.A. *VRN-1* gene-associated prerequisites of spring growth habit in wild tetraploid wheat *T. dicoccoides* and the diploid A genome species // *BMC Plant Biology*. 2015. Vol. 15. 94. DOI: 10.1186/s12870-015-0473-x
5. Yan L., Loukoianov A., Tranquilli G. et al. Positional cloning of wheat vernalization gene *VRN1* // *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*. 2003. Vol. 100. P. 6263–6268. DOI: 10.1073/pnas.0937399100

УСТОЙЧИВОСТЬ СОРТОВ СЛИВЫ ДОМАШНЕЙ СЕЛЕКЦИИ МОС ВИР К КЛЯСТЕРОСПОРИОЗУ

В. В. Шерстобитов

Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова, Майкопская опытная станция – филиал ВИР, Майкопский район, Республика Адыгея, Россия, scherstobitow@mail.ru

RESISTANCE TO CLASTEROSPORIOSIS IN COMMON PLUM CULTIVARS BRED AT MAIKOP EXPERIMENT STATION OF VIR

V. V. Sherstobitov

N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources,
Maikop Experiment Station of VIR, Maikopsky District, Republic of Adygea, Russia,
scherstobitow@mail.ru

Дырчатая пятнистость (клястероспориоз) – одна из наиболее опасных и широко распространенных болезней сливы (Gharbi, 2014; Заремук, Кочубей, 2019). Заболевание поражает почки, побеги, ветви, цветки, плоды и особенно сильно листья. Возбудитель клястероспориоза (*Clasterosporium carpophilium* (Lev.) Aderh) в благоприятных условиях способен развиваться уже при температурах +2...+4°C. В жаркое засушливое время он находится в латентном состоянии (Хохряков, 1966; Ванек и др., 1975). Заболевание снижает зимостойкость и долговечность дерева, его продуктивность (Ещенко, 1989). На зараженных цветках до их раскрытия возбудитель обычно скапливается на чашелистиках, после раскрытия лепестков поражаются пестики и тычинки. Такие цветки осыпаются, не образуя завязи (Пересыпкин, 1969; Смольякова, 2000). На молодых ветвях выступают красно-бурые пятна с диаметром 2–5 мм. На старых ветвях появляются трещины, вздувается кора, выступает камедь (Дорожин, 1978). На листьях клястероспориоз образует красно-фиолетовые, светло-коричневые, красно-бурые пятна с бурой каймой (рис. 1). Пятна достигают размера до 2–5 мм в диаметре (Ефремов, 2019). В последнее время проявление болезни на листьях сместилось с фенофаз «полное цветение» – «окончание цветения» на фенофазу «начало цветения» (Мищенко, 2020). Пораженные плоды сначала покрываются красно-бурыми пятнами, затем пятна превращаются в коричневатые бородавкообразные вздутия или коросты (Дементьева, 1985).



Рис. 1. Лист сливы, пораженный клястероспориозом (по Исаевой, 1971)

Целью исследования является изучение устойчивости сливы домашней селекции МОС ВИР к клястероспориозу.

Оценку сортов на устойчивость к клястероспориозу проводили в коллекционном саду Майкопской ОС филиала ВИР в соответствии с Программой и методикой сортоизучения плодовых, ягодных и орехоплодных культур, 1999 (Программа..., 1999). Объектами исследования являлись 15 сортов сливы, созданные на Майкопской опытной станции ВИР, произрастающие в коллекции станции. Для проведения учетов исследовали по три дерева каждого сорта. Маркировали ветви, ориентированные на все стороны света.

Оценивали поражения листьев и плодов по шкале от 0 до 5 баллов, где 0 – поражение отсутствует, 1 – поражено до 1% поверхности органов (высокая устойчивость), 2 – поражено 1–10% (повышенная устойчивость), 3 – поражено 11–25% органов или их поверхности (средняя устойчивость), 4 – поражено 25–50% органов (повышенная восприимчивость), 5 – поражение свыше 50% (высокая восприимчивость).

Анализ многолетней оценки поражения клястероспориозом сортов сливы домашней показал, что большинство из них восприимчивы к этой болезни в средней степени.

Выявлены наиболее устойчивые к клястероспориозу сорта: ‘Арвита’ (к-28409), ‘Венгерка вкусная’ (к-43323), ‘Венгерка МОС ВИР’ (к-15080), ‘Венгерка предгорная’ (к-43323), ‘Венгерка сизая’ (к- 43328), ‘Венгерка сладкая’ (к-43329), ‘Измамот’ (к-48408), ‘Лакомка’ (к-43471), поражение которых составляло не более 2 баллов. На рисунке 2 представлены два сорта сливы домашней с повышенной устойчивостью к клястероспориозу.



Рис. 2. Сорта сливы домашней ‘Арвита’ (слева) и ‘Венгерка сизая’ (справа)

Менее устойчивыми к клястероспориозу оказались сорта: ‘Венгерка Цитвенбюль’ (к-43331), ‘Венгерка шунтукская’ (к-15079), ‘Венгерка Шунтучка’ (к-43334), ‘Спурочка’ (к-43477), ‘Чернослив адыгейский’ (к-23743), ‘Чернослив предгорный’ (к-43488). Все эти сорта поражались не более 3 баллов. Наименьшую устойчивость проявил сорт ‘Венгерка майкопская’ (к-15081), с максимальным поражением в 4 балла.

Сорта, выделившиеся по устойчивости к клястероспориозу, рекомендуются для дальнейшего изучения в селекционных программах.

Список литературы

1. Ванек Г., Корчагин В.Н., Тер-Симонян Л.Г., Осницкая Е.А. Атлас болезней и вредителей плодовых, ягодных, овощных культур и винограда. Москва: Колос, 1975. 367 с.
2. Дементьева М.И. Сельскохозяйственная фитопатология. Москва: Колос, 1985.
3. Дорожин Н.А., Амбросов А.Л., Бондарь Л.В., Болотников В.В. Защита сада от вредителей и болезней (обзорная информация). Минск: Ураджай, 1978. 33 с.
4. Ефремов И.Н. Гуляева А.А., Безлепкина Е.В. Устойчивость форм вишни и сливы к грибным заболеваниям // Вестник аграрной науки. 2019. № 3(78). С. 17–22.
5. Ещенко В.М. Сад и огород : справочник. Краснодар: Советская Кубань, 1989.
6. Заремук Р.Ш., Кочубей А.А. Комплексная оценка исходного материала сливы домашней для создания новых сортов // Плодоводство и виноградарство юга России. 2019. Т. 59, № 5. С. 1–11.
7. Исаева Е.В. Атлас болезней плодовых и ягодных культур. Киев: Урожай, 1971. 92 с., 40 л. ил.
8. Мищенко И.Г. Особенности развития клястероспориоза сливы в Краснодарском крае // Магарац. Виноградарство и виноделие. 2020. Т. 22, № 4. С. 350–354.
9. Пересыпкин В.Ф. Сельскохозяйственная фитопатология. Москва: Колос, 1969. 479 с.

10. Программа и методика сортоизучения плодовых и орехоплодных культур / под общей редакцией: Е.Н. Седова, Т.П. Огольцовой. Орел: ВНИИСПК, 1999. 606 с.
11. Смольякова В.М. Болезни плодовых пород Юга : работа выполнена в рамках проекта «Юг России-2000». Краснодар: Весть, 2000. 190 с.
12. Хохряков М.К., Доброзракова Т.Л., Степанова К.М., Летова М.Ф. Определитель болезней растений. Ленинград: Колос, [Ленинградское отд-ние], 1966. 592 с.
13. Gharbi O., Wunsch A., Rodrigo J. Characterization of accessions of «Reine Claude Verte» plum using Prunus SRR and phenotypic traits // Scientia Horticulturae. 2014. Vol. 169. P. 57–65.

СОЗДАНИЕ НОВЫХ ОБРАЗЦОВ СОРГО С УЛУЧШЕННОЙ ПИТАТЕЛЬНОЙ ЦЕННОСТЬЮ НА ОСНОВЕ ГЕНОМНОГО РЕДАКТИРОВАНИЯ

**Л. А. Эльконин¹, Г. А. Геращенко², Н. В. Борисенко¹, О. А. Кенжегулов¹,
С. Х. Сарсенова¹, В. М. Панин¹**

¹Федеральный аграрный научный центр Юго-Востока, Саратов, Россия,
lElkonin@gmail.com

²Институт биохимии и генетики – обособленное структурное подразделение Уфимского федерального исследовательского центра Российской академии наук, Уфимский федеральный исследовательский центр Российской академии наук, Уфа, Республика Башкортостан, Россия

DEVELOPMENT OF NEW ACCESSIONS OF GRAIN SORGHUM WITH IMPROVED NUTRITIONAL VALUE USING GENOME EDITING

**L. A. Elkonin¹, G. A. Gerashchenkov², N. V. Borisenko¹, O. A. Kenzhegulov¹,
S. Kh. Sarsenova¹, V. M. Panin¹**

¹Federal Agrarian Research Centre of the South-East Region, Saratov, Russia
lElkonin@gmail.com

²Institute of Biochemistry and Genetics, Ufa Federal Research Centre of the Russian Academy of Sciences, Ufa Federal Research Centre of the Russian Academy of Sciences, Ufa, Republic of Bashkortostan, Russia

Сорго (*Sorghum bicolor* (L.) Moench) – одна из важнейших культур мирового сельскохозяйственного производства, надежный источник кормового и пищевого зерна в засушливых регионах мира. Однако, в отличие от других злаков, зерно сорго имеет более низкую питательную ценность, главной причиной которой является устойчивость его запасных белков (кафиринов) к расщеплению протеазами.

Одним из подходов к решению данной проблемы может быть использование технологий геномного редактирования, в частности, системы CRISPR-Cas. Для решения этой задачи нами была создана серия векторов для сайт-направленного мутагенеза генов *kIC5* и *gKAF1*, кодирующих, соответственно, 22 kDa α - и γ -кафирины. В качестве мишеней были выбраны нуклеотидные последовательности, кодирующие сигнальные полипептиды этих белков, ответственные за их упаковку в белковые тельца клеток эндосперма. Подбор мишеней осуществляли с использованием онлайн инструментов CRISPOR и ChopChop, при этом были выбраны мишени с наименьшим числом нецелевых сайтов. Выбранные мишени были встроены в вектор pSH121, любезно предоставленный доктором Й. Кумленом (Leibniz Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research (IPK) Gatersleben, Germany), несущий ген эндонуклеазы *Cas9* и сайт для гидовой РНК (gRNA). Затем каждый вновь

сконструированный вектор интегрировали в бинарный вектор B479p7oUZm-LH, способный к репликации в *Agrobacterium tumefaciens* и к переносу в геном растительной клетки. Полученные рекомбинантные вектора с помощью электропорации ввели в штамм *A. tumefaciens* AGL0 для последующего переноса созданных генетических конструкций в геном сорго посредством агробактериальной трансформации. Таким путем было создано 4 штамма *A. tumefaciens*: AGL0/p1C и AGL0/p2C, несущие разные мишени для редактирования гена *k1C5*, и AGL0/p3C и AGL0/p4C (с разными мишенями для редактирования гена *gKAF1*).

С этими штаммами нами были проведены эксперименты по агробактериальной трансформации незрелых зародышей сорта 'Аванс'. Это новый коммерческий сорт, допущенный для использования в ряде регионов Российской Федерации, отличающийся высокой урожайностью, крупной метелкой с белым зерном. В результате экспериментов получено 22 трансгенных растения, несущие ген *Cas9*.

Трансгенные растения, полученные в экспериментах со штаммом AGL0/p2C, несущим в качестве мишени фрагмент нуклеотидной последовательности, кодирующей сигнальный полипептид 22 kDa α -кафирина, отличаются модифицированной текстурой эндосперма с нарушенным развитием стекловидного слоя и уменьшенным размером зерновок. Секвенирование ДНК пяти трансгенных растений T₀, полученных при использовании вектора p2C, выявило у каждого из них делеции и/или точковые мутации в нуклеотидной последовательности, кодирующей сигнальный полипептид 22 kDa α -кафирина, которые, возможно, обуславливают изменения фенотипа зерновок. SDS-электрофорез белков муки из зерновок мутантов из поколения T₁ показал значительно более высокий уровень перевариваемости кафиринов (84%), по сравнению с исходной линией Аванс (66%) (рисунок).

Таким образом, нами на основе использования технологии CRISPR-Cas получены мутанты сорго со значительно улучшенной перевариваемостью кафиринов. Созданные мутанты могут быть использованы как доноры высокой перевариваемости кафиринов при создании новых сортов и гибридов сорго с улучшенной питательной ценностью, что позволит принципиально улучшить генофонд сорго в Российской Федерации и сделает эту культуру более востребованной в сельскохозяйственном производстве.

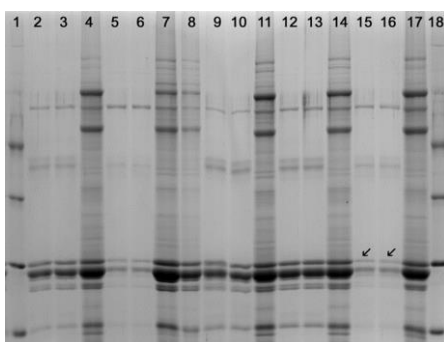


Рисунок. SDS-электрофорез белков из зерновок растений сорго, полученных в эксперименте по редактированию нуклеотидной последовательности гена *k1C5*, кодирующего синтез 22 kDa α -кафирина. 1, 18 – маркеры молекулярной массы; 2–4 – исходный сорт 'Аванс'; 5–7 – полученный ранее мутант с высокой перевариваемостью кафиринов Аванс-1/18, несущий генетическую конструкцию для РНК-сайленсинга гена γ -кафирина (*gKAF1*); 8–11 и 12–14 – растения №1 и №2 из потомства T₁ регенеранта 2С-1.1.3 с инсерциями и однонуклеотидными делециями в сигнальной последовательности гена *k1C5*; 15–17 – растение №2 из потомства T₁ регенеранта 2С-2.1.1 с однонуклеотидной делецией и точковой мутацией в сигнальной последовательности гена *k1C5*.

4, 7, 8, 11, 14, 17 – контрольные варианты (без обработки пепсином); 1, 2, 5, 6, 9, 10, 12, 13, 15, 16 – после обработки муки пепсином в системе *in vitro* (по 2 повторности у каждого образца).

Стрелками указаны почти полностью переваренные кафирины у мутанта 2С-2.1.1

Работа выполнена при поддержке гранта РФФИ № 19-016-00117.

**СЕКЦИЯ 3. ПРИКЛАДНЫЕ ИССЛЕДОВАНИЯ
ГЕНЕТИЧЕСКИХ РЕСУРСОВ РАСТЕНИЙ**

**SECTION 3. APPLIED RESEARCH
OF PLANT GENETIC RESOURCES**

УЛУЧШЕННЫЙ СПОСОБ ВВЕДЕНИЯ В КУЛЬТУРУ *IN VITRO* НЕОПЫЛЕННЫХ СЕМЯПОЧЕК ОГУРЦА (*CUCUMIS SATIVUS L.*)

С. Н. Белов

Федеральный научный центр овощеводства, Московская область, Россия,
belov@vniissok.ru

IMPROVED METHOD FOR ISOLATION OF UNPOLLINATED OVULES *IN VITRO* OF CUCUMBER (*CUCUMIS SATIVUS L.*)

S. N. Belov

Federal Scientific Vegetable Center, Moscow Region, Russia, belov@vniissok.ru

Ускорение получения селекционных достижений, возможно за счет использования методов биотехнологии. Для огурца (*Cucumis sativus L.*) используются методы индуцированного партеногенеза *in situ* (опыление облученной пылью), андрогенеза (культура пыльников или микроспор *in vitro*) и гиногенеза (культура неопыленных семязпочек или культура фрагментов завязи *in vitro*).

Метод партеногенеза является одним из самых распространенных у культур семейства Cucurbitaceae, но выход эмбриоидов остается нестабильным и зависит от влияния фактора генотипа, сезона введения в культуру, условий окружающей среды и дозы облучения. Использование андрогенеза затрудняется крайне низким выходом ДН-растений и осложняется тем, что селекция огурца, направлена по получению линий с женским типом цветения, закрепленным на генетическом уровне. Гиногенез является перспективной технологией за счет того, что количество индуцированных эмбриоидов на одну введенную в культуру *in vitro* завязь может достигать до 20 штук, однако изолирование семязпочек представляет собой крайне трудоемкую и длительную по времени процедуру.

Целью данного исследования ставилось изучить возможные способы введения в культуру *in vitro* неопыленных семязпочек огурца, и предложить решения для облегчения этого этапа в технологии получения ДН-растений.

Для введения в культуру использовали женские полукрытые бутоны трех генотипов огурца партенокарпического типа (201, 202, 203). Изоляцию семязпочек в культуру *in vitro* проводили с помощью препаровальных игл под стереомикроскопом Stemi 305 (Carl Zeiss Microscopy GmbH, Germany) при 10× увеличении в ламинарном боксе и помещали по 25 шт в стерильные чашки Петри (60 мм), содержащие 10 мл индукционной агаризованной питательной среды. Эксперимент проводили в трехкратной повторности.

Для индукции гиногенного развития у огурца, в культуру *in vitro* вводятся либо фрагменты завязи с семязпочками, либо изолированные семязпочки. При введении в культуру фрагментов завязи, после стерилизации завязь разрезается поперечно на фрагменты толщиной 2 мм. При изолировании семязпочек важным фактором является их качество, целостность покровов и индукционная способность. Семязпочки огурца, располагаются несколькими рядами в трехгнездной завязи (иногда 4-5-гнездной), которую необходимо разрушить для того, чтобы их выделить. Стандартным способом является разрез завязи скальпелем, вдоль или поперек, однако при этом большая часть семязпочек травмируется по линии надреза. Помимо этого, доступ к семязпочкам открывается, только в том месте, где сделан разрез, чтобы получить доступ к другим семязпочкам, необходимо точно разрушать завязь препаровальной иглой, при этом остается большой риск повреждения семязпочек. Ткани завязи огурца, достаточно обводненные и при разрезе скальпелем вдоль или поперек, жидкое клеточное содержимое сразу же появляется в месте разреза, тем самым усложняя поиск и выделение светлых прозрачных семязпочек. Размеры семязпочек огурца, на оптимальной для индукции гиногенного развития стадии, обычно составляют от 500 до 700 мкм, в связи с чем необходимо использовать стереомикроскоп

и для введения в культуру 25 нетравмированных семян может затрачиваться до 30–40 минут рабочего времени.

В результате серии опытов, был подобран более эффективный способ разрушения завязи, который облегчит процесс извлечения и уменьшит количество поврежденных семян. После ступенчатой стерилизации (96% этанол (1 минута), 5% раствор гипохлорита натрия (15 минут) с последующим трехкратным промыванием дистиллированной водой) на стерильной завязи в условиях ламинарного бокса необходимо сделать поверхностные надрезы скальпелем, и полностью проколоть ее вдоль в середине препаровальной иглой. После необходимо удалить иглу, и скальпелем аккуратно в месте трещин, сделать надрезы, тем самым завязь распадется на три семенные камеры. В боковой проекции они будут представлять треугольник, по бокам которого находятся семена вдоль всей завязи, которые легко отделить. За счет того, что семена расположены на поверхности, их хорошо видно, и отсутствует жидкое клеточное содержимое разрушенных тканей. Данный способ увеличивает скорость работы оператора, а также обеспечивает наибольшее количество неповрежденных семян для изоляции, чем при стандартном разрезе завязи скальпелем вдоль/поперек. При проведении опыта использовались 3 генотипа огурца партенокарпического типа, которые выращивались в условиях зимней теплицы типа Ришель тепличного комплекса ФГБНУ ФНЦО. В результате введения в культуру *in vitro* 75 семян при использовании нового способа, количество неповрежденных семян у генотипа 201 увеличилось до 51,6%, у генотипа 202 – до 92,3%, у генотипа 203 – до 80,5%. Время на выделение 25 семян новым способом позволяет сократить на 15 минут по отношению к стандартному способу.

РЕЗУЛЬТАТЫ ИЗУЧЕНИЯ ГЕНОФОНДА СОИ ДЛЯ СЕЛЕКЦИОННЫХ ЦЕЛЕЙ

Е. С. Бутовец, Е. А. Васина, Л. М. Лукьянчук

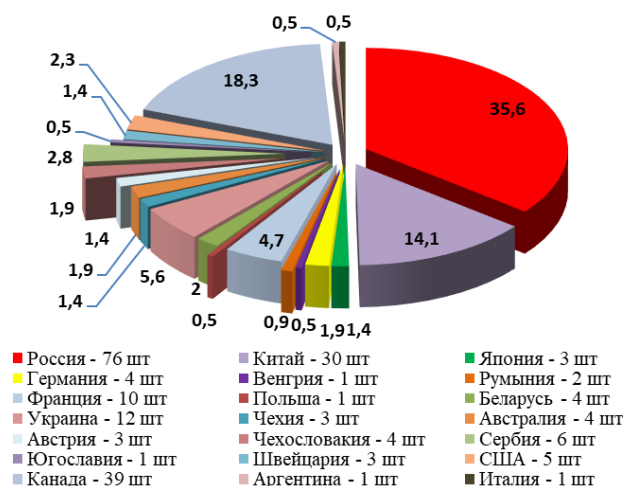
Федеральный научный центр агробιοтехнологий Дальнего Востока имени А.К. Чайки,
Уссурийск, Приморский край, Россия, otdelsoy@mail.ru

RESULTS OF THE STUDY ON THE SOYBEAN GENE POOL FOR BREEDING PURPOSES

E. S. Butovets, E. A. Vasina, L. M. Lukyanchuk

Federal Scientific Center of agrobiotechnology in the Far East named after A.K. Chaika,
Ussuriysk, Primorsky krai, Russia, otdelsoy@mail.ru

Важная роль в селекционной работе отводится успешному подбору генетических источников урожайности сои, качества зерна, устойчивости к болезням, неблагоприятным эдафическим и климатическим условиям зоны возделывания, которые будут использоваться при конструировании генотипа. Для реализации селекционной и исследовательской программы проведено всестороннее изучение рабочей биоресурсной коллекции сои ФНЦ агробιοтехнологий Дальнего Востока им. А.К. Чайки по хозяйственно ценным признакам, адаптированных к условиям Приморского края. Тестируемая рабочая коллекция представлена 213 генотипами сои, наибольшее количество (35,6%) составляют российские сорта, из них 81,4% дальневосточной селекции.



При оценке образцов сои выявлены прямые сильные достоверные связи между продукционными показателями (масса семян с растения, число бобов и семян), коэффициент корреляции составил 0,79 и 0,84. Существенную обратную связь наблюдали между высотой прикрепления нижнего боба сои и продуктивностью.

По результатам трех лет испытания была выбрана перспективная гермоплазма сои по ряду признаков. В сравнении со стандартом 'Приморская 4', превышение по продуктивности более чем на 35,0% наблюдали у сортов 'Местная' (Россия), 'Цзилинь' (Китай), 'Montreal' (Чехословакия), 'XP 977-1,9' (США); характеризовались ранним созреванием (100 дней) – '№ 075-2' (США), 'K0152' (Украина), 'Muzanze Stamm M 4789/74', 'SOJA 1065' и 'Адсой' (Германия). Высокую урожайность сформировали сортообразцы 'XP 977-1,9' (378 г/м²), 'Приморская 1629' (371 г/м²), 'Витязь 50' (370 г/м²), 'Цзилинь' (354 г/м²), 'НС Атлас' (347 г/м²), превысив стандарт до 62,2%, это во многом было связано с наибольшей сохранностью растений сои к моменту уборки (> 40%). Четыре сорта российской селекции, один китайской и сербской, имея высокие значения по показателю «масса 1000 зерен» (более 205 г), представляют ценность для ведения селекции сои на крупносемянность.

По масличности семян в условиях Приморья из выделенного набора только 40,9% сортов превышали стандарт на 0,3–3,1%, наибольшее содержание данного питательного вещества обнаружено в образцах сои 'Местная' (25,9%) и 'НС Атлас' (26,0%). Высокое содержание белка в семенах сои выше стандарта на 1,0–3,7% отмечено у сортов – 'Журавушка' (39,2%), 'ХН 4' (41,9%), 'Торлица' (41,9%) и 'XP 977-1,9' (39,5%). Устойчивостью к патогену сои – *Septoria glycines* Hemmi характеризовались образцы сои 'Pi 6D 4182', 'ХН 4', 'Скеля' и 'НС Атлас'.

Устойчивыми к пероноспорозу были все сорта, за исключением двух образцов из азиатской и европейской ЭГГ, проявивших среднюю степень устойчивости.

По результатам установления адаптивного потенциала коллекционных образцов сои, наибольшую устойчивость к стрессовым условиям произрастания, продемонстрировали сорта различного происхождения: 'Приморская 4' (–2,5), 'Торлица' (–2,0), 'Кассиди' (–3,0). Наименьшую стрессоустойчивость (от –12,5 до –14,7) к условиям возделывания проявили образцы 'Алиса', 'Витязь 50', 'Цзилинь', 'Приморская 1629'.

Благоприятные условия для реализации потенциала продуктивности генофонда сои сложились в 2020 году, индекс среды составил наибольшее положительное значение (1,4), при самой высокой среднесортовой продуктивности в опыте 9,2 г.

В дальнейшем перспективная гермоплазма сои планируется для использования в селекционной программе, изучения на установление генетических дистанции и филогенетических взаимоотношений, отражающих уровень их сходств и различий.

ИСПОЛЬЗОВАНИЕ БИОТЕХНОЛОГИЧЕСКИХ МЕТОДОВ ДЛЯ СЕЛЕКЦИИ ОВОЩНЫХ КУЛЬТУР В ФГБНУ ФНЦО

Е. А. Домблидес, А. С. Домблидес

Федеральный научный центр овощеводства, Московская область, Россия,
edomblides@mail.ru

THE USE OF BIOTECHNOLOGICAL METHODS FOR THE BREEDING OF VEGETABLE CROPS IN THE FSBSI FSVC

E. A. Domblides, A. S. Domblides

Federal Scientific Vegetable Center, Moscow Region, Russia, edomblides@mail.ru

В современной селекции овощных культур технологии культивирования тканей и клеток *in vitro* активно включаются в селекционный процесс по следующим направлениям. 1. Использование биотехнологических методов, ускоряющих получение исходного материала для гетерозисной селекции овощных культур с использованием андро- и гиногенеза (ДН-технологии). 2. Создание межвидовых гибридов для получения исходного селекционного материала с заданными свойствами с использованием методов культуры *in vitro* для преодоления постгамной несовместимости (спасение зародышей). 3. Клональное микроразмножение для поддержания стерильных линий и уникальных образцов овощных и цветочных культур.

Получение удвоенных гаплоидов является быстрым методом создания гомозиготных линий, которые могут ускорить селекционный процесс. К концу первого десятилетия XXI века в мировой практике с помощью ДН-технологий получены около 300 новых сортов сельскохозяйственных культур. Однако овощные культуры оказались менее отзывчивыми к ДН-технологиям. Первые удвоенные гаплоидные растения в культуре пыльников были получены в лаборатории биотехнологии ВНИИССОК (ФГБНУ ФНЦО) еще в начале 90-х годов прошлого века. Это были растения моркови и капусты белокочанной (Домблидес и др., 2020). В настоящий момент базовый протокол культуры микроспор *in vitro* для семейства Brassicaceae был оптимизирован (Kozar, Domblides, 2021; Shumilina et al., 2021) и уже получены и включены в селекционный процесс растения с удвоенным гаплоидным набором хромосом капусты белокочанной и краснокочанной, брокколи, репы, рапса, капусты пурпурной, горчицы сарептской, индау посевного и даже редиса европейского, который является самой малоотзывчивой культурой в этом семействе. Разработана отечественная технология получения удвоенных гаплоидных линий перца через культуру пыльников/микроспор, на основе которой созданы удвоенные гаплоиды у различных сортов и межвидовых гибридов перца. Данная технология находится на уровне лучших зарубежных аналогов для острого перца. На базе лаборатории репродуктивной биотехнологии в селекции сельскохозяйственных растений также разрабатываются этапы технологии получения удвоенных гаплоидов в культуре изолированных микроспор и неопыленных семяпочек *in vitro* для культур семейства Apiaceae. Уже получены ДН-растения нескольких сортотипов моркови столовой и пастернака овощного. Оптимизируются этапы этой технологии для укропа, петрушки и сельдерея. В культуре неопыленных семяпочек *in vitro* получены удвоенные гаплоиды овощных культур семейства Cucurbitaceae (огурец, кабачок, патиссон, тыква), семейства Amaranthaceae (свеклы столовой и свеклы сахарной) и семейства Amaryllidaceae (овощные культуры рода Allium). Проводятся фундаментальные исследования по изучению этапов андрогенеза и гиногенеза, позволяющие определить основные причины и разработать пути преодоления низкой отзывчивости овощных культур в условиях *in vitro*.

С использованием меристемной культуры (с термообработкой) и клонального микроразмножения (с использованием антибиотиков) в лаборатории был получен

безвирусный посадочный материала стахиса, якона и чеснока. Проводятся исследования по получению полиплоидных форм чеснока с использованием обработки меристем в культуре *in vitro* антимиотическими веществами. Был оптимизирован способ клонального микроразмножения капусты цветной с использованием прифлоральных меристем и разработана технология клонального микроразмножения, позволяющая размножать растения капусты белокочанной с мужской стерильностью в неограниченных количествах. Метод клонального микроразмножения может служить не только для тиражирования трудно размножаемых растений, но и является основой многих клеточных технологий. Так, например, разработанная в лаборатории технология клонального микроразмножения баклажана и перца далее легла в основу эмбриокультуры по спасению зародышей при межвидовой гибридизации. В настоящий момент проводятся исследования по оптимизации технологии спасения зародышей, полученных от скрещиваний *Brassica oleraceae* с *B. rapa* и *Brassica oleraceae* с *Raphanus sativus*.

Внедрение биотехнологических методов помогает селекционеру оптимизировать селекционный процесс и создавать конкурентноспособные сорта и гибриды овощных культур. При совместном участии с селекционерами созданы гибриды овощных культур: сорт моркови Соната, который создан с использованием ДН-линий (Авторское свидетельство № 34702 от 29.11.2000); гибрид капусты китайской Памяти Поповой F1 создан с использованием технологии микрклонального размножения (Патент №5583); ДН-линия брокколи BP1-1 (Патент №7144); гибрид капусты кольраби Добрыня F1, созданный на основе ДН-линий; гибрид капусты белокочанной Натали F1 (Патент №10961), созданный на основе ДН-линий; гибриды перца сладкого на основе ДН-линий Мила F1, Натали F1 (Патент №8049), Гусар F1 (Патент №8050). Оптимизация методик получения удвоенных гаплоидов в культуре неопыленных семян для тыквенных культур способствовала созданию гибрида тыквы крупноплодной F1 Вега (Патент №8013).

Разработка отечественных биотехнологий, а также внедрение их в практическую селекцию необходимо, как для реализации программы импортозамещения в РФ, так и для выведения сельскохозяйственного семеноводческого рынка Российской Федерации на мировой уровень за счет разработки биотехнологических методов ускорения селекционного процесса не только для культур, где уже существуют запатентованные иностранные аналоги, но и для сельскохозяйственных культур по которым такие технологий еще плохо разработаны или вообще не представлены.

Список литературы

1. Домблидес Е.А., Шмыкова Н.А., Минейкина А.И. Исторические этапы биотехнологических исследований в ФГБНУ ФНЦО // Известия ФНЦО. 2020. № 1. С. 23–42. DOI: 10.18619/2658-4832-2020-1-23-42
2. Kozar E., Domblides E. Protocol of European Radish (*Raphanus sativus* L.) Microspore Culture for Doubled Haploid Plant Production // Doubled Haploid Technology / J.M. Segui-Simarro (eds). Humana, New York, NY, 2021. P. 217–232. (Methods in Molecular Biology; Vol. 2288). DOI: 10.1007/978-1-0716-1335-1_13
3. Shumilina D., Kozar E., Chichvarina O., Korottseva K., Domblides E. *Brassica rapa* L. ssp. *chinensis* Isolated Microspore Culture Protocol // Doubled Haploid Technology / J.M. Segui-Simarro (eds). Humana, New York, NY, 2021. P. 145–162. (Methods in Molecular Biology ; vol. 2288). DOI: 10.1007/978-1-0716-1335-1_9

РАЗЛИЧИЯ ОСОБЕННОСТЕЙ ПЫЛЬЦЫ И ОПУШЕНИЯ ЧЕРЕШКОВ ЛИСТЬЕВ КАК МАРКЕРНЫЕ ПРИЗНАКИ ПЛОИДНОСТИ РАСТЕНИЙ ГИНОГЕННЫХ ЛИНИЙ КАБАЧКА *IN VITRO*

А. С. Ермолаев, А. В. Широкова, Е. А. Домблидес

Федеральный научный центр овощеводства, Московская область, Россия,
ErmolaevAlexeyStanislavovich@gmail.Com, salpiglossis@yandex.ru, edomblides@mail.ru

DIFFERENCES IN THE FEATURES OF POLLEN AND PUBESCENCE OF LEAVES AS MARKER TRAITS OF PLANTS IN GYNOGENIC ZUCCHINI LINES *IN VITRO*

A. S. Ermolaev, A. V. Shirokova, E. A. Domblides

Federal Scientific Vegetable Center, Moscow Region, Russia
ErmolaevAlexeyStanislavovich@gmail.Com, salpiglossis@yandex.ru, edomblides@mail.ru

Полиплоидия, полная дупликация генома, в сочетании с межвидовой гибридизацией широко распространена у растений. Для полиплоидных видов характерны более крупные, чем у их диплоидных сородичей, морфологические органы: побеги, листья, цветки и плоды, а также пыльцевые зерна, но из-за особенностей мейоза семенная продуктивность может быть понижена. Для полиплоидов характерно большее, чем у диплоидов разнообразие признаков и более высокий адаптивный потенциал. Среди сортов культурных растений более 50% составляют полиплоиды, природные и полученные экспериментальными методами (Озернюк, Исаева, 2016). Род *Cucurbita* – один из наиболее экономически важных, к нему принадлежат кабачки, цуккини и тыквы. В семействе тыквенных (*Cucurbitaceae*) этот род занимает особое положение: ранее считалось, что виды этого рода – диплоиды, у них 40 хромосом ($n=20$), но было показано, что такой геном тетраплоидный, это результат полногеномной дупликации (Montero-Pau et al., 2017). В современной селекции растений для получения линий наряду с традиционными используют биотехнологические методы, такие как гиногенез, андрогенез, партеногенез.

Для стабилизации генома таких форм применяют колхицин, в результате чего возникают формы с числом хромосом, увеличенным в два, три и четыре раза по сравнению с исходным сортом. Полученные в нашем исследовании формы гиногенных линий в культуре неопыленных семян кабачка *in vitro* отличались пониженной семенной продуктивностью.

Целью исследования был сравнительный анализ таких признаков, как размеры, фертильность и длина шипов на поверхности пыльцевых зерен и качество опушения (типы, длина и густота расположения волосков) на основаниях листовых черешков взрослых листьев растений кабачка. Эти признаки могут указывать на уровень плоидности.

Линии кабачка разной плоидности были получены в культуре неопыленных семян *in vitro* в лаборатории репродуктивной биотехнологии в селекции сельскохозяйственных растений ФГБНУ «Федерального научного центра овощеводства» (ФГБНУ ФНЦО). Для исследования были отобраны по 3 растения каждой из 14 линий с различной плоидностью – $2n$, $3n$ и $4n$. Плоидность определяли методами проточной цитометрии клеточных ядер, прямого подсчета хромосом в апикальных меристемах и подсчетом хлоропластов в замыкающих клетках устьиц. Методом сканирующей электронной микроскопии (микроскоп JEOL, JSM-6380LA (Япония), средняя толщина напыления сплава Au-Pd 20nm) у растений линий R0 и R1 были исследованы особенности пыльцевых зерен (ПЗ) и опушения черешков листьев и получены их изображения. Все замеры делали с помощью программы SEM Control User Interface Version 7.11 Copyright 2004 JEOL Technics LTd. Поперечные срезы черешков были изучены с использованием стереомикроскопа Stemi 508 с камерой AxioCam 305 color (Carl Zeiss Microscopy GmbH, Germany). Пыльцу с раскрывшихся цветков, изолированных за 12–14 часов в фазе

окрашенного бутона, подсушивали на воздухе и наносили на алюминиевый столик с двусторонним углеродным скотчем. Свежие черешки листьев перед исследованием проводили через серию спиртов (50, 70, 99%) и высушивали в критической точке.

В результате проведенного изучения впервые с использованием сканирующего электронного микроскопа были получены изображения пыльцевых зерен гиногенных линий кабачка с различным уровнем ploидности. Была выявлена зависимость между ploидностью растений и диаметром ПЗ. Так, у растений $2n$ диаметр ПЗ составлял $101,97 \pm 0,88$ мкм; $3n$ – $129,27 \pm 4,32$ мкм; $4n$ – $141,33 \pm 0,52$ мкм. Также были обнаружены различия по длине макрошипов на поверхности пыльцевых зерен и густоте их расположения у растений с разной ploидностью: $2n$ – $7,00 \pm 0,69$ мкм; $3n$ – $6,44 \pm 0,26$ мкм; $4n$ – $4,73 \pm 0,15$ мкм. Таким образом, с увеличением уровня ploидности диаметр пыльцевых зерен увеличивается, а средняя длина макрошипов на их поверхности заметно снижается. Различие между диаметром ПЗ у растений $2n$ и $4n$ составляло около 35%. Было обнаружено, что у диплоидных ($2n$) и тетраплоидных ($4n$) растений фертильность пыльцы была примерно одинаковой, чуть выше 70%, а у триплоидных ($3n$) составляла около 62%. Наибольшее количество деформированных пыльцевых зерен (недоразвитых, с нарушенной оболочкой и частично выступившим содержимым) наблюдалось у триплоидных растений. Наличие фертильных, сформированных ПЗ у триплоидных форм может быть связано с тем, что эти растения изначально не диплоиды, а тетраплоиды и, следовательно, истинная ploидность « $3n$ » растений – это $3n \times 2$. По разнообразию типов волосков и густоте их расположения существенные различия наблюдались между диплоидными и полиплоидными растениями. У растений полиплоидных линий наибольшая густота расположения была характерна для коротких железистых и нежелезистых волосков; отмечены, трех-, пяти- и семиклеточные нежелезистые волоски. У диплоидных форм волоски короткие, трехклеточные. С увеличением ploидности число длинных волосков на поверхности черешков возрастает. Так, на 1 мм^2 можно было наблюдать: $2n$ – $22,00 \pm 1,73$ шт., $3n$ – $14,25 \pm 0,85$ и $4n$ – $5,80 \pm 1,39$ шт.; расстояние между шипами у тетраплоидных форм ($4n$) превышало почти в 2 раза – $318,87 \pm 49,44$ мкм, чем у диплоидных ($2n$) форм $162,83 \pm 36,54$ мкм., у $3n$ – $227,46 \pm 15,66$; длина шипов у тетраплоидных форм ($4n$) была несколько больше – $317,33 \pm 29,92$ мкм чем у диплоидных ($2n$) $267 \pm 15,18$ мкм., у $3n$ $302,74 \pm 18,51$ мкм. Были отмечены волоски более 1,4 мм длиной. Короткие волоски на поверхности черешков слабо заметны, в то время как длинные волоски полиплоидов отчетливо видны.

Таким образом, использование таких косвенных показателей, как диаметр пыльцевых зерен, разнообразие макрошипов по длине и опушение черешка листа может служить одним из способов экспресс идентификация ploидности у растений-регенерантов кабачка.

Исследование выполнено при финансовой поддержке РФФИ в рамках научного проекта № 20-316-90053 / The reported study was funded by RFBR, project number 20-316-90053

Список литературы

Озернюк Н.Д., Исаева В.В. Эволюция онтогенеза. Москва : Товарищество научных изданий КМК, 2016. 407с.

Andolfo G., Di Donato A., Darrudi R., Errico A., Aiese Cigliano R., Ercolano M.R. Draft of Zucchini (*Cucurbita pepo* L.) Proteome: A Resource for Genetic and Genomic Studies // Frontiers in Genetics. 2017. Vol. 8. 181. DOI: 10.3389/fgene.2017.00181

ЗИМО- МОРОЗОСТОЙКОСТЬ ПШЕНИЧНО-РЖАНЫХ 5R(5A) ЗАМЕЩЕННЫХ ЛИНИЙ, РАЗЛИЧАЮЩИХСЯ АЛЛЕЛЯМИ ГЕНА ЧУВСТВИТЕЛЬНОСТИ К ЯРОВИЗАЦИИ

Т. Т. Ефремова, Е. В. Чуманова, И. М. Жукова

Федеральный исследовательский центр Институт цитологии и генетики
Сибирского отделения Российской академии наук, Новосибирск, Россия,
efremova@bionet.nsc.ru

COLD HARDINESS OF WHEAT-RYE 5R(5A) SUBSTITUTED LINES DIFFERING IN VERNALIZATION ALLELES

T. T. Efremova, E. V. Chumanova, I. M. Zhukova

Federal Research Center Institute of Cytology and Genetics,
Siberian Branch of the Russian Academy of Sciences, Novosibirsk, Russia,
efremova@bionet.nsc.ru

У Triticeae морозостойкость определяется двумя основными локусами *FR-1* и *FR-2* (FROST RESISTANCE). Оба локуса расположены на длинном плече хромосом пятой гомеологической группы. Локус *FR-1* тесно связан с основным локусом яровизации *VRN-1* и вся хромосомная область также описывается как локус *VRN-1/FR-1* (Galiba et al., 2009). Локус *FR-2* был картирован на ~30 сМ проксимальнее *VRN-1* на гомеологичных хромосомах пятой группы и связан с морозоустойчивостью и экспрессией гена *COLD REGULATED (COR)* (Tóth et al., 2003). Озимые сорта пшеницы высевают осенью, поскольку им требуется длительное воздействие низких температур (яровизация) для ускорения цветения, в то время как яровым сортам этого не требуется, их высевают весной после того, как прошел риск воздействия отрицательными температурами. Полиморфизм рецессивного аллеля *vrn1* ассоциирован с озимым типом развития, сильной реакцией на яровизацию и морозостойкостью. По сравнению с пшеницей, рожь более морозостойкая (Fowler, Limin, 2004; Erath et al., 2017), но улучшение зимостойкости пшеницы за счет ржи остается малоизученным подходом. Для ее решения мы предлагаем использовать в качестве генетических моделей – пшенично-ржаные 5R(5A) замещенные линии.

Исследовали зимостойкость (зима 2017/2018 и 2019/2020 гг.) пшенично-ржаных замещенных линий: Филатовка-Вьетнамская 5R(5A), Ульяновка-Вьетнамская 5R(5A), Ранг-Онохойская 5R(5A) и Мироновская крупнозерная (Мир)- Онохойская 5R(5A), а также озимые сорта ‘Филатовка’ (Фил), ‘Ульяновка’ (Ул) и ‘Мироновская 808’ (М808). Донором хромосомы 5R был сорт яровой ржи ‘Онохойская’ (Он) (Efremova et al, 2006) или сорт ржи ‘Вьетнамская местная’ (Вт). Зимостойкость определяли путем учета растений весной в начале мая по девятибалльной шкале. Один балл означает, что зимостойкость крайне низкая, все растения погибли (90%), 9 – все растения выжили. Семена пшенично-ржаных замещенных линий и озимых сортов высевались осенью 2017 и 2019 гг. в двух повторностях на экспериментальном поле ИЦиГ СО РАН в лесостепи в окрестностях г. Новосибирска (Западная Сибирь).

Нами показано, что Ранг/Он 5R(5A) и Мир/Он 5R(5A) имеют озимый тип развития, поскольку эти линии несут только рецессивные аллели локуса *VRN-1* пшеницы и ржи. Линии Фил/Вт 5R(5A) и Ул/Вт 5RL(5A) имеют факультативный тип развития и могут расти как в яровом, так и в озимом посевах. Эти линии имеют доминантный ген *Vrn-R1* ржи. Молекулярно-генетическими методами было установлено, что у пшенично-ржаных линий отсутствует хромосома 5A пшеницы и линии несут рецессивные аллель *vrn-B1*.

Таблица. Зимостойкость (баллы) пшенично-ржаных 5R(5A) замещенных линий и озимых сортов (г. Новосибирска).

Год посева	Ранг/Он 5R(5A)	Мир/Он 5R(5A)	Фил/Вт 5R(5A)	Ул/Вт 5RL(5A)	Фил	Ул	M808
2017	8	9	8	8	9	9	8
2019	8	8	9	8	9	9	8

Изучение зимостойкости замещенных линий позволило установить, что как озимые, так и яровые линии зимуют в условиях Западной Сибири. Зимы 2017/2018 и 2019/2020 гг. были теплыми, что благоприятно повлияло на зимовку растений. Зимостойкость для пшенично-ржаных линий и озимых пшениц составила 8-9 баллов (таблица). Кроме того, необходимо отметить, что анализ температуры и количество осадков показывает, что биоклиматический потенциал для озимых злаков становится все более благоприятным на территории Западной Сибири (Tshebakova et. al., 2011). В результате чего сложились хорошие условия для расширения посевов озимых культур в отдельных районах Западной Сибири. Замещенные линии и сорта реципиенты практически не различались по продолжительности периода «всходы – колошение» (286–289 дней в 2018 г. и 265–271 дней в 2020 г.). Колошение наступило 18–23 июня в 2018 г. и 18 мая по 4 июня в 2020 г. Анализ признаков продуктивности показал, что пшенично-ржаное 5R(5A) замещение хромосомом положительно повлияло на длину и плотность колоса, число и массу зерен в колосе. Анализ устойчивости к болезням показал, что все изученные замещенные линии сильно поражались бурой ржавчиной, за исключением линии Мир-Он 5R(5A) (степень поражения 0-4 балла). Линия Фил-Вт 5R(5A), также, как и сорт ‘Фил’ не поражались мучнистой росой (устойчивость 10 баллов). Таким образом, на базе созданной коллекции пшенично-ржаные замещенные линий и разработанных методов направленного замещения хромосом нами обработаны подходы для получения морозостойких линий мягкой пшеницы.

Список литературы

1. Efremova T.T., Maystrenko O.I., Arbutova V.S., Laikova L.I., Panina G.M., Popova O.M., Berezova O.V. Effect of alien 5R(5A) chromosome substitution on ear-emergence time and winter hardiness in wheat-rye substitution lines // *Euphytica*. 2006. Vol. 151. P. 145–153.
2. Erath W., Bauer E., Fowler D.B., Gordillo A., Korzun V., Ponomareva M., Schmidt M., Schmiedchen B., Wilde P., Schön C.-C. Exploring new alleles for frost tolerance in winter rye // *Theoretical and Applied Genetics*. 2017. Vol. 130. P. 2151–2164.
3. Fowler D.B., Limin A.E. Interactions among factors regulating phenological development and acclimation rate determine low-temperature tolerance in wheat // *Annals of Botany*. 2004. Vol. 94. P. 717–724.
4. Galiba G., Vagujfalvi A., Li C., Soltesz A., Dubcovsky J. Regulatory genes involved in the determination of frost tolerance in temperate cereal // *Plant Science*. 2009. Vol. 176. P. 12–19.
5. Tshebakova N.M., Parfenova E.I., Lysanova G.I., Soja A.J. Agroclimatic potential across central Siberia in an altered twenty-first century // *Environmental Research Letters*. 2011. Vol. 6, No. 4. Article number: 045207. DOI: 10.1088/1748-9326/6/4/045207
6. Tóth B., Galiba G., Feher E., Sutka J., Snape J.W. Mapping genes affecting flowering time and frost resistance on chromosome 5B of wheat // *Theoretical and Applied Genetics*. 2003. Vol. 107. P. 509–514. DOI: 10.1007/s00122-003-1275-3

Данная работа была выполнена при поддержке гранта РФФИ 22-26-00085.

СОЗДАНИЕ MS- И MF-ЛИНИЙ РЕДИСА НА ОСНОВЕ ЯДЕРНО-ЦИТОПЛАЗМАТИЧЕСКОЙ МУЖСКОЙ СТЕРИЛЬНОСТИ ДЛЯ СЕЛЕКЦИИ НА ГЕТЕРОЗИС

Т. В. Заячковская*, В. А. Степанов

Федеральный научный центр овощеводства, Московская область, Россия,
*taivka34@mail.ru

PRODUCTION OF MS- AND MF-LINES OF RADISH BASED ON NUCLEAR CYTOPLASMIC MALE STERILITY FOR HETEROSIS BREEDING

T. V. Zayachkovskaya*, V. A. Stepanov

Federal Scientific Vegetable Center, Moscow Region, Russia, *taivka34@mail.ru

Редис (*Raphanus sativus* L. var. *radicula*) относится к семейству Brassicaceae Burnett – капустные (Cruciferae Juss. – Крестоцветные) и является общедоступной культурой, которая легко и издавна возделываются в нашей стране. Большое количество аминокислот, витаминов, минеральных солей, биологически активных веществ обуславливает незаменимость редиса для правильного и полноценного питания человека (Сазонова, Власова, 1990).

В последнее десятилетие в мировом производстве семян овощных культур происходит закономерное вытеснение свободно-опыляемых сортов гибридами F₁, отсюда и мировой тренд в селекции редиса – создание F₁-гибридов, которые обладают исключительной морфологической однородностью, высокой урожайностью, товарностью продукции и устойчивостью к стрессорам. Использование гетерозисного эффекта позволяет повысить урожайность на 39–115% и улучшить качество продукции (Миронов, Тюханова, 2015). Значительные площади редиса в открытом и защищенном грунте засеваются гибридными семенами зарубежных производителей семян. Многие из отечественных гибридов F₁ редиса являются лицензированными у зарубежных фирм (Монахос и др., 2015). В связи с этим в России в последние годы во многих учреждениях ведется селекционная работа по созданию F₁-гибридов редиса. В селекции F₁-гибридов капустных овощных культур чаще всего используют мужскую стерильность типа Oguга и самонесовместимость (Bonnet, 1975; Бунин, 1994). В филиале ФГБНУ ФНЦО (ВНИИО) ведется работа по созданию F₁-гибридов редиса на основе мужской стерильности: выделены стерильные формы растений (Ogu-ЦМС) и создан перспективный линейный материал (Янаева, Ховрин, 2013; Ховрин и др., 2017).

Большой научный и практический интерес для гетерозисной селекции редиса имеет использование формы дайкона (MS Genske) из коллекции лаборатории селекции и семеноводства столовых корнеплодов ФГБНУ ФНЦО в качестве донора цитоплазмы Oguга, подтвержденной мультиплексной ПЦР Домблидес А. С., Домблидес Е. А. (Федорова, 2015). В ФГБНУ ФНЦО ранее проведены исследования по передаче Ogu-ЦМС от дайкона редису с целью создания ms-материнских и mf-линий для селекции редиса на гетерозис на основе ядерно-цитоплазматической мужской стерильности. Созданы ms- и mf-линии с использованием ЦМС-Oguга на основе сортопопуляций редиса Моховский, Фея, Мавр, Красный Великан и гибридных популяций Дабел F₁ и Донар F₁. За последние годы проведен анализ более двух тысяч растений из 270 потомств – гибридных комбинаций скрещивания (ms×mf), инбредных потомств разных поколений инбридинга (I₂–I₇), беккроссированных потомств, сибсовых скрещиваний, изучены хозяйственно полезные признаки растений, морфобиологические признаки листа, листовой розетки, корнеплода и их изменчивость. Степень стерильности изученных потомств составляла от 14 до 100%. Основной метод получения mf-линий – инбридинг самосовместимых растений с последующей их оценкой по закрепительной способности в подобранных комбинациях

скрещиваний. Большинство сортов и селекционных форм редиса, участвовавших в скрещиваниях, имеют доминантный по фертильности генотип, и подобранные для скрещивания с Ogu-ЦМС опылители подходят для выделения из них закрепителя стерильности (Федорова, 2015).

В ФГБНУ ФНЦО впервые получена стерильная линия редиса № 24, путем переноса ЦМС от стерильной формы дайкона MS Genske в редис сортопопуляции Моховский с помощью многократных беккроссирований и оценки потомств на проявление признаков ms- и mf- и морфологическую однородность. В результате семи поколений инбридинга из сортопопуляции Моховский создан закрепитель стерильности № 25, стабильно закрепляющий ЦМС. Полученные линии характеризуются белым округлым корнеплодом и небольшой листовой розеткой с шестью слаборассеченными листьями. Семена этих линий желтой окраски, как и семена сорта 'Моховский'. При оценке линейного материала выделены две отцовские морфологически выровненные линии сортопопуляции Мавр – № 54 и № 55, при скрещивании которых со стерильной линией № 24 получены выровненные гибридные комбинации № 80, № 81 со светло-фиолетовыми и фиолетовыми корнеплодами, с высоким положительным гетерозисным эффектом по отношению к отцовской форме по товарной урожайности +100% и +118% и массе товарного корнеплода +10,9% и +86,2%, соответственно; превысившие в открытом грунте зарубежный стандарт F₁ Дабел по товарной урожайности на 30% и товарности – на 5,7 и 8,1% соответственно; являющиеся ценным материалом для получения гетерозисного гибрида редиса на основе ЦМС-Ogura.

Список литературы

1. Бунин М.С. Мужская стерильность сельскохозяйственных растений семейства *Brassicaceae* L. и ее использование в селекции // Сельскохозяйственная биология. Сер. Биология растений. 1994. № 1. С. 20–31.
2. Миронов А.А., Тюханова С.М. Новый гибрид редиса для защищенного и открытого грунта // Картофель и овощи. 2015. № 10. С. 39–40.
3. Монахос Г.Ф., Миронов А.А., Тюханова С.М. Селекция F₁ гибридов вида *Raphanus sativus* L. на основе линий с мужской стерильностью // Овощи России. 2015. № 1 (26). С. 8–12.
4. Сазонова Л.В., Власова Э.А. Корнеплодные растения (морковь, сельдерей, петрушка, пастернак, редис, редька). Ленинград: Агропромиздат, Ленинградское отделение, 1990. 296 с.
5. Федорова М.И., Заячковская Т.В., Домблидес Е.А., Домблидес А.С. Редис Моховский — источник ms- и mf-линий при селекции на гетерозис // Овощи России. 2015. № 3 (28). С. 22–27.
6. Ховрин А.Н., Янаева Д.А., Домблидес Е.А. Создание линейного материала для гетерозисной селекции редиса в защищенном грунте // Картофель и овощи. 2017. № 1. С. 35–38.
7. Янаева Д.А., Ховрин А.Н. Редис европейский: селекция и технология выращивания // Картофель и овощи. 2013. № 3. С. 30–33.
8. Bonnet A. Introduction and use of cytoplasmic male sterility in early European varieties of radish, *Raphanus sativus* L. // Annales de l' Amelioration des Plantes. 1975. Vol. 25, No. 4. P. 381–397

ИНТРОГРЕССИЯ ГЕНОВ УСТОЙЧИВОСТИ К СОСУДИСТОМУ БАКТЕРИОЗУ (ВОЗБ. *X. CAMPESTRIS PV. CAMPESTRIS*) В КАПУСТУ БЕЛОКОЧАННУЮ (*B. OLERACEA L.*)

О. Н. Зубко*, С. Г. Монахос

Российский государственный аграрный университет – МСХА им. К.А. Тимирязева,
Москва, Россия, *o.zubko@rgau-msha.ru

INTROGRESSION OF BLACK ROT (PATH. *X. CAMPESTRIS PV. CAMPESTRIS*) RESISTANCE GENES INTO WHITE CABBAGE (*B. OLERACEA L.*)

O. N. Zubko*, S. G. Monakhos

Russian State Agrarian University – Moscow Timiryazev Agricultural Academy, Moscow,
Russia, *o.zubko@rgau-msha.ru

Важнейшим признаком современных F₁-гибридов капусты белокочанной, определяющим их конкурентоспособность и востребованность на семенном рынке, является устойчивость к болезням. Сосудистый бактериоз (СБ) (возбудитель – *Xanthomonas campestris pv. campestris* (Pammel) Dowson (*Xcc*)), несмотря на усилия селекционеров во всем мире, все еще приводит к существенным потерям урожая и ухудшению качества выращиваемой продукции. Создание F₁-гибридов капусты, устойчивых к этому заболеванию осложняется наличием одиннадцати рас *Xcc* и отсутствием в пределах вида *Brassica oleracea* доноров доминантных генов устойчивости к наиболее распространенным расам. Вовлечение в селекционный процесс линий с расоспецифической устойчивостью близкородственных видов *B. carinata*, *B. rapa* и *B. juncea* может решить проблему с устойчивостью к сосудистому бактериозу у представителей *B. oleracea*.

Целью данного исследования являлась интрогрессия генов устойчивости к сосудистому бактериозу в геном *C* (*B. oleracea*) из линий близкородственных видов: геном *BC* (*B. carinata*) геном *AA* (*B. rapa*) и геном *AB* (*B. juncea*).

Растительный материал вида-реципиента был представлен восприимчивыми к СБ инбредными диплоидными и тетраплоидными линиями капусты (*B. oleracea*), видов-доноров – инбредными, гомозиготными по генам устойчивости линиями *B. carinata*, *B. rapa* и *B. juncea*. Для спасения зародышей от отдаленных скрещиваний применяли протокол, разработанный Монахос (Монахос, Богданова, 2014). Оценка устойчивости к СБ потомства F₁ и последующие BC проводили на инфекционном фоне по методике Ignatov et al. (1998) с использованием трех рас *Xcc* (1, 3 и 4). Гибридность растений от отдаленных скрещиваний подтверждали фенотипированием и цитологическим анализом: микрофотографированием делящихся клеток и проточной цитометрией.

В результате исследования показано, что признак устойчивости к трем расам *Xcc* наследуемый в исходных донорных видах *B. carinata*, *B. rapa* по доминантно-моногомной модели при интрогрессии в геном *C* *B. oleracea* не сохраняет этой модели наследования. В беккроссных потомствах межвидовых гибридов *B. oleracea* × *B. carinata* и *B. oleracea* × *B. rapa* от скрещивания с восприимчивой *B. oleracea* растения наследовали устойчивость как к трем расам *Xcc*, так и к отдельным расам и их комбинациям. Осложненное наследование устойчивости к *Xcc* в потомствах *B. oleracea* × *B. carinata* сопровождается низкой частотой гомеологичной рекомбинации хромосомы, содержащей локус устойчивости, и в этой связи необходимостью дополнительного поколения беккросса для стабилизации видового числа хромосом. Отобранные устойчивые к трем расам *Xcc* растения являются ценным генетическим материалом для использования в селекционных программах по созданию новых устойчивых к СБ F₁ гибридов капусты белокочанной.

Список литературы

1. Монахос С.Г., Богданова В.Д. Отдаленная гибридизация капустных растений (*Brassica*). Технология «спасения зародышей»: методические рекомендации. Москва: Изд-во РГАУ – МСХА имени К.А. Тимирязева, 2014. 87 с.
2. Ignatov A., Kuginuki Y., Hida K. Race-specific reaction of resistance to black rot in *Brassica oleracea* // *European Journal of Plant Pathology*. 1998. Vol. 104. P. 821–827. DOI: 10.1023/A:1008642829156

РАЙОНЫ ГЕНОМА, АССОЦИИРОВАННЫЕ С УСТОЙЧИВОСТЬЮ К ФУЗАРИОЗНОМУ УВЯДАНИЮ У ЛЬНА

А. А. Канапин¹, М. П. Банкин¹, А. А. Самсонова*¹, Т. А. Рожмина², М. Г. Самсонова¹

¹Санкт-Петербургский политехнический университет Петра Великого, Санкт-Петербург, Россия, *m.samsonova@spbstu.ru

²Федеральный научный центр лубяных культур, Тверь, Россия

GENOMIC REGIONS ASSOCIATED WITH FUSARIUM WILT RESISTANCE IN FLAX

A. A. Kanapin¹, M. P. Bankin¹, A. A. Samsonova*¹, T. A. Rozhmina², M. G. Samsonova¹

¹Peter the Great St. Petersburg Polytechnic University, St. Petersburg, Russia, *m.samsonova@spbstu.ru

²Federal Research Center for Bast Fiber Crops, Tver, Russia

Современные сорта льна подвержены многим заболеваниям, из которых наиболее значимый экономический урон оказывает фузариозное увядание, вызываемое грибом *Fusarium oxysporum* f. sp. *lini*. За последние десятилетия международные селекционные инициативы привели к созданию устойчивых сортов. Однако многое еще предстоит узнать о механизмах устойчивости льна к этой инфекции.

В качестве первого шага к раскрытию генетических факторов, связанных с устойчивостью к фузариозному увяданию, мы провели полногеномный поиск ассоциаций (GWAS) с использованием 297 образцов из коллекции Федерального научного центра лубяных культур. Эти генотипы были инфицированы высокопатогенным штаммом MI39; оценку симптомов заражения регистрировали в течение трех лет в 2019–2021 годах. После секвенирования образцов, поиска однонуклеотидных полиморфизмов (ОНП) и фильтрации в анализ были взяты 72 526 ОНП, прошедшие все необходимые проверки. Поиск ассоциаций был выполнен с использованием шести различных однолокусных моделей, реализованных в пакете GARIT3 R (Wang, Zhang, 2021), и отдельно по каждому году фенотипирования. Всего было идентифицировано 15 QTN (нуклеотидов количественных признаков), значимо ассоциированных с признаком интереса по двум годам фенотипирования, из которых 8 QTN были стабильно ассоциированы с устойчивостью в течение всех трех лет эксперимента. Десять QTN из 15 локализовались в области начала хромосомы I размером 640 т.п.н, тогда как остальные QTN были картированы на хромосомах 8, 11 и 13. Все стабильные QTN демонстрируют статистически значимый аллельный эффект по всем трем годам эксперимента. Важно отметить, что несколько QTN локализируются либо внутри, либо по-соседству с генами, участвующими в распознавании патогенов и иммунном ответе растений, включая KIP1-подобный белок (Lus10025717) и белок NBS-LRR (Lus10025852). Наши результаты углубляют представление

о генетической архитектуре устойчивости льна к фузариозному увяданию и определяют потенциальные гены-кандидаты для селекционных программ.

Список литературы

Wang J., Zhang Z. GAPIT Version 3: Boosting Power and Accuracy for Genomic Association and Prediction // Genomics, Proteomics & Bioinformatics. 2021. Vol. 19, Iss. 4. P. 629–640. DOI: 10.1016/j.gpb.2021.08.005

ПОЛНОГЕНОМНЫЙ АНАЛИЗ АССОЦИАЦИЙ ДЛЯ ИЗУЧЕНИЯ СОДЕРЖАНИЯ БЕЛКА В ЗЕРНЕ МЯГКОЙ ПШЕНИЦЫ

А. А. Киселева*, А. А. Бережная, И. Н. Леонова, Е. А. Салина

¹ Федеральный исследовательский центр Институт цитологии и генетики Сибирского отделения Российской академии наук, Новосибирск, Россия, *antkiseleva@bionet.nsc.ru

GENOME-WIDE ASSOCIATION ANALYSIS TO STUDY PROTEIN AND GLUTEN CONTENT IN COMMON WHEAT GRAIN

A. A. Kiseleva*, A. A. Berezhnaya, I. N. Leonova, E. A. Salina

Federal Research Center Institute of Cytology and Genetics, Siberian Branch of the Russian Academy of Sciences, Novosibirsk, Russia, *antkiseleva@bionet.nsc.ru

Содержание белка является важным показателем качества зерна *Triticum aestivum*. В данной работе мы использовали популяцию сортов мягкой пшеницы отечественной селекции.

Поскольку на данный момент известны гены *NAM-1*, которые влияют на запасание питательных веществ (в том числе, белка) в зерне пшеницы, было проведено генотипирование для установления аллельного состава гена *NAM-A1*. В исследуемой коллекции сортов значительно выше была частота встречаемости гаплотипа *NAM-A1c* (61%) по сравнению с аллелями *NAM-A1d* (34%) и *NAM-A1a* (5%). При этом представленность гаплотипа *NAM-A1c* в сортах не коррелирует с их происхождением. В целом, частоты встречаемости аллелей *NAM-A1* соответствует мировым коллекциям.

Наиболее высокое содержание белка было показано для сортов с аллелем *NAM-A1a*. Сорта с аллелем *NAM-A1d* демонстрировали самое низкое содержание белка в зерне, при этом разброс значений был незначительным. Стоит отметить, что аллель *NAM-A1a*, ассоциированный с самым высоким содержанием белка в зерне является довольно редким (всего 6% сортов). Сравнение сортов, содержащих различные аллели *NAM-A1*-гена, по массе зерна с колоса и массе тысячи зерен не выявило достоверных отличий, что позволяет сделать предположение об отсутствии негативного влияния *NAM-A1*-гена на компоненты урожайности.

Для выявления новых локусов, которые могут быть связаны с содержанием белка и глютена в зерне, популяция из 95 сортов была генотипирована с использованием чипа Illumina Wheat 25K (TraitGenetics GmbH). Для полногеномного анализа ассоциаций использовали смешанную линейную модель (MLM), реализованную в программном обеспечении TASSEL v. 5.2.50 (Bradbury et al., 2007). Данная модель учитывала фиксированные эффекты SNP и структуры популяции (Q матрица), а также случайные эффекты родства (Kinship) в каждом эксперименте отдельно (годы и экспериментальные поля) и с учетом всех условий (общая модель). В результате ассоциативного картирования популяции яровой мягкой пшеницы с использованием данных по фенотипу на двух полях

за четыре года, были выявлены локусы на 6А хромосоме, значимо ассоциированные с содержанием белка в зерне (рисунок).

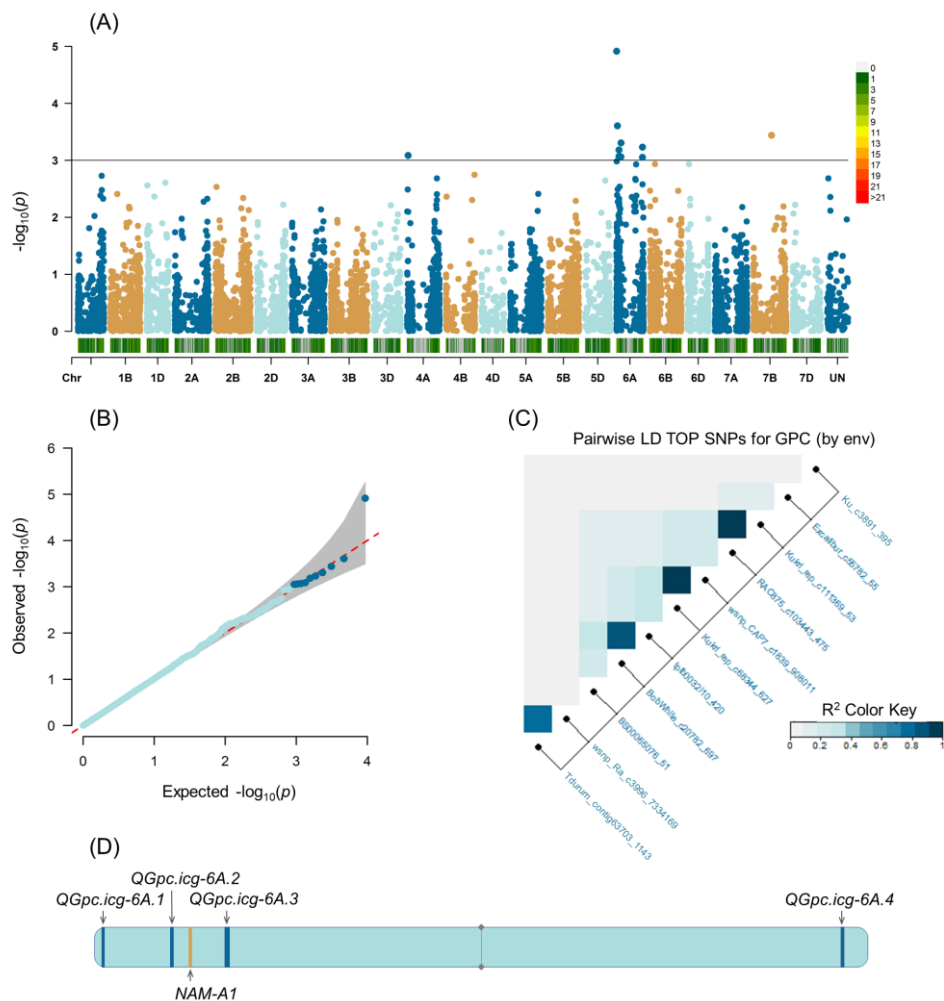


Рисунок. Обобщение результатов полногеномного анализа ассоциаций по содержанию белка в зерне. (A) график Манхэттена MLM модели, которая учитывает фиксированные эффекты SNP и структуры популяции (Q матрица), а также случайные эффекты родства (Kinship) с учетом всех условий (общая модель); (B) графики квантиль – квантиль представляют собой наблюдаемое и ожидаемое значение значения вероятностей; (C) График неравновесного сцепления значимых маркеров SNP; (D) схематическая иллюстрация расположения QTLs с наиболее значимыми маркерами SNP в хромосоме 6А и позиция *NAM-A1* локуса, С – позиция центромеры

Самые значимые маркеры (*wspn_Ra_c3996_7334169* и *Tdurum_contig63703_1143*), которые располагаются на конце коротко плеча 6А попадают на ген *TraesCS6A02G013700*. Этот ген кодирует белок, который участвует в убиквитин-зависимой ЭПР ассоциированной деградации белков. На более высоком уровне данный белок может быть вовлечен в ответ на различные стимулы и метаболизм азот-содержащих соединений. По данным efpBrowser ген *TraesCS6A02G013700* наиболее сильно экспрессируется в созревающем зерне. Вероятно, он может оказывать влияние на накопление белка в зерне на этапе созревания.

Работа выполнена при финансовой поддержке Российского научного фонда, проект № 21-76-3000.

ОСОБЕННОСТИ ЭМБРИОГЕНЕЗА РЕДИСА ЕВРОПЕЙСКОГО В КУЛЬТУРЕ МИКРОСПОР *IN VITRO*

Е. В. Козарь

Федеральный научный центр овощеводства, Московская область, Россия,
koz.leno4ek@gmail.com

PECULIARITIES OF EUROPEAN RADISH EMBRYOGENESIS IN MICROSPORE CULTURE *IN VITRO*

E. V. Kozar

Federal Scientific Vegetable Center, Moscow region, Russia, koz.leno4ek@gmail.com

Культура изолированных микроспор *in vitro* (ИМС) используется для получения удвоенных гаплоидов (ДН-растений), которые необходимы для ускорения процесса селекции и очень удобны для генетических исследований (Forster, Thomas, 2005). Эта технология начала развиваться давно, но ее потенциал продолжает раскрываться, как для практического применения, так и для получения фундаментальных знаний. Например, развитие некоторых микроспор очень похоже на зиготический эмбриогенез, и относительно недавно были разработаны протоколы, в которых значительная часть микроспор способна развиваться по зиготическому типу, что позволяет тщательно изучать эмбриогенез с самых ранних стадий развития (Prem et al., 2012). Эмбриогенез в культуре микроспор был изучен очень широко для отзывчивых культур к ИМС-технологии. Например, *Brassica napus*, использовалась для изучения тотипотентности (Dubas et al., 2014), гормональной сигнализации (Rodríguez-Sanz et al., 2015), клеточных стенок (Telmer et al., 1995) и роли суспензора в формировании эмбриоида (Supena et al., 2008). Тем не менее, в этой области знаний еще много неизвестного, мнения ученых не во всем совпадают, продолжают появляться новые доказательства и опровержения гипотез.

Редис европейский является сложной культурой с точки зрения получения ДН-растений с помощью ИМС технологии, поскольку отзывчивость его микроспор крайне низкая. В литературе сообщалось о получении удвоенных гаплоидов вида *Raphanus sativus* L. спорадически, причем большинство публикаций посвящено subsp. *acanthiformis* (Blanch) Stankev., а информация о subsp. *sativus* L. была освещена только в одной статье, где в ходе исследований удалось индуцировать образование каллуса из микроспор без дальнейшего развития (Tuncer, 2017). В нашей лаборатории мы разработали протокол ИМС-технологии для редиса европейского, который впервые позволил завершить полный цикл получения ДН-растений редиса европейского (subsp. *sativus*). В результате чего у нас появилась уникальная возможность пополнить знания о процессе эмбриогенеза одной из самых невосприимчивых к ИМС-технологии культур семейства Brassicaceae.

Целью исследования было изучить пути основных этапов и биологические особенности эмбриогенеза редиса европейского в культуре микроспор *in vitro* с первого дня до семядольной стадии развития. Методика культивирования микроспор происходила согласно протоколу (Kozar, Domblydes, 2021). Подробно результаты исследования описаны в статье (Kozar, 2021), а в настоящем исследовании представлены основные особенности эмбриогенеза, которые не были описаны в литературе ранее.

Впервые для всего семейства Brassicaceae обнаружены: микроспоры с неповрежденными экзинами с упорядоченными делениями, подобно тому, как это происходит при формировании эмбриоидов с суспензорами; микроспоры полностью лишенные экзины уже на второй день культуры клеток. Мы также впервые столкнулись с прикреплением суспензора к апикальным частям эмбриоидов между семядолями и сбоку от апикальной части. Более того, в эмбриоидах, которые формировались в центральной части суспензора, мы наблюдали ориентацию апикально-базальной оси эмбриоидов

параллельно оси суспензора, так что один суспензор был прикреплен к базальной части эмбриоида, а другой – к апикальной. Ранее считалось, что суспензор может нести функцию определения будущей апикально-базальной оси эмбриоида, поскольку ранее его прикрепление наблюдали только к базальной части (Supena et al., 2008), однако в наших исследованиях это не подтвердилось, вследствие чего стоит поставить под сомнение гипотезу о функции суспензора, как определителя апикально-базальной оси эмбриоида. Также Supena et al. (2008) сообщают, что эмбрионы, сформированные из центральной части суспензора, развивались в несколько раз дольше, чем эмбрионы, сформированные на одном конце суспензора. В наших наблюдениях в скорости развития эмбриоидов закономерности от типа их формирования не наблюдалось, в том числе мы наблюдали неравномерное развитие эмбриоидов в целом, и в одно и то же время культуры мы могли наблюдать эмбриоиды на разных стадиях развития.

В нашей работе было показано, что эмбриогенез микроспор в культуре микроспор *in vitro* редиса европейского во многом схож с эмбриогенезом других культур Brassicaceae, но есть особенности, которые ранее не были описаны в литературе и требуют особого внимания при дальнейших исследованиях.

Список литературы

1. Forster B.P., Thomas W.T.B. Doubled Haploids in Genetics and Plant Breeding // Plant Breeding Reviews. 2005. Vol. 25. P. 57–88. DOI: 10.1002/9780470650301.ch3
2. Prem D., Solís M.T., Bárányi I., Rodríguez-Sanz H., Risueño M.C., Testillano P.S. A new microspore embryogenesis system under low temperature which mimics zygotic embryogenesis initials, expresses auxin and efficiently regenerates doubled-haploid plants in *Brassica napus* // BMC Plant Biology. 2012. Vol. 12. Article ID: 127. DOI: 10.1186/1471-2229-12-127
3. Dubas E., Moravčíková J., Libantová J., Matušiková I., Benková E., Zur I., Krzewska M. The Influence of Heat Stress on Auxin Distribution in Transgenic *B. napus* Microspores and Microspore-Derived Embryos // Protoplasma. 2014. Vol. 251. P. 1077–1087. DOI: 10.1007/s00709-014-0616-1
4. Rodríguez-Sanz H., Solís M.-T., López M.-F., Gómez-Cadenas A., Risueño M.C., Testillano P.S. Auxin Biosynthesis, Accumulation, Action and Transport Are Involved in Stress-Induced Microspore Embryogenesis Initiation and Progression in *Brassica napus* // Plant Cell Physiol. 2015. Vol. 56. P. 1401–1417. DOI: 10.1093/pcp/pcv058
5. Telmer C.A., Newcomb W., Simmonds D.H. Cellular changes during heat shock induction and embryo development of cultured microspores of *Brassica napus* cv. Topas // Protoplasma. 1995. Vol. 185. P. 106–112.
6. Supena E.D.J., Winarto B., Riksen T., Dubas E., van Lammeren A., Offringa R., Boutilier K., Custers J. Regeneration of Zygotic-like Microspore-Derived Embryos Suggests an Important Role for the Suspensor in Early Embryo Patterning // Journal of Experimental Botany. 2008. Vol. 59. P. 803–814.
7. Tuncer B. Callus Formation from Isolated Microspore Culture in Radish (*Raphanus sativus* L.) // The Journal of Animal & Plant Sciences. 2017. Vol. 27. P. 277–282.
8. Kozar E., Domblides E. Protocol of European Radish (*Raphanus sativus* L.) Microspore Culture for Doubled Haploid Plant Production // Doubled Haploid Technology / J.M. Seguí-Simarro (eds). Humana, New York, NY, 2021. P. 217–232. (Methods in Molecular Biology ; vol. 2288). DOI: 10.1007/978-1-0716-1335-1_13
9. Kozar E.V., Domblides E.A., Soldatenko A.V. Embryogenesis of European Radish (*Raphanus sativus* L. subsp. *sativus* convar. *Radicula*) in Culture of Isolated Microspores In Vitro // Plants. 2021. Vol. 10, No. 10. Article ID: 2117. DOI: 10.3390/plants10102117

ИЗУЧЕНИЕ УДВОЕННЫХ ГАПЛОИДОВ РЕПЫ КОРНЕПЛОДНОЙ, ПОЛУЧЕННЫХ НА ОСНОВЕ МАТЕРИАЛА ИЗ КОЛЛЕКЦИИ ВИР

Д. Л. Корнюхин*¹, А. М. Артемьева¹, Д. В. Шумилина²

¹Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова, Санкт-Петербург, Россия, *d.kornyukhin@vir.nw.ru

²Федеральный научный центр овощеводства, Московская область, Россия

STUDY OF DOUBLE HAPLOIDS OF THE TURNIP OBTAINED ON THE BASIS OF MATERIAL FROM THE VIR COLLECTION

D. L. Kornyukhin¹, A. M. Artemyeva¹, D. V. Shumilina²

¹N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources, St. Petersburg, Russia, *d.kornyukhin@vir.nw.ru

²Federal Scientific Vegetable Center, Moscow region, Russia

Создание удвоенных гаплоидов (DH) сельскохозяйственных культур является современным биотехнологическим методом, позволяющим в короткий срок получить полностью гомозиготные линии. Этот метод широко применяется при работе с овощными культурами семейства Brassicaceae L., к которым относится репа корнеплодная, *Brassica rapa* L. subsp. *rapa* – старейшая овощная культура России. Совместная работа по созданию удвоенных гаплоидов репы корнеплодной, начатая ВИР и ВНИИСОК в 2013 году, является пионерской для Российской Федерации. За короткий срок удалось подобрать сорта репы из коллекции ВИР, дающие наиболее высокий выход линий DH (лидером является образец 'Roots' (к-1380, США) и создать биотехнологическую методику работы с этой культурой (Shumilina et al., 2020). Полученные линии были переданы в ВИР, где на НПБ «Пушкинские и Павловские лаборатории ВИР» происходила дальнейшая работа по размножению, полевому изучению и описанию полученных линий согласно Методическим указаниям ВИР (Изучение и поддержание..., 1989).

Материалом для исследования послужили 42 линии удвоенных гаплоидов корнеплодной репы, полученных из образца Roots (к-1380, США). Перед проведением полевого изучения, каждая линия была размножена путем контролируемого ручного самоопыления, используя метод «опыления в бутонах» для преодоления возможной самонесовместимости линий. Для контроля был высеян родительский образец Roots. Некоторые морфологические признаки линий DH и контрольного образца представлены в таблице.

Таблица. Проявление морфологических признаков у родительских форм и линий DH репы корнеплодной

Образец (линия)	Признак		
	окраска корнеплода	форма корнеплода	форма листовой розетки
Shohoin*	белая	округлый, округло-плоский	почти прямостоячая
PurpleTopWhite Globe*	белая красноголовая	округлый	полураскидистая
Raab salad (брокколетто)*	–	–	полураскидистая
к-1380, Roots	белая красноголовая	округлый, овальный	полураскидистая
линии DH	белая красноголовая, белая зеленоголовая, белая	плоский, плоскоокруглый, округлый	раскидистая, полураскидистая, прямостоячая

*данные по морфологическим признакам сортов с такими же названиями из БД ВИР

По литературным данным (<https://cucurbit.info/2016/06/turnip/>) сорт репы корнеплодной 'Roots' является сложным гибридом, при создании которого были использованы сорта корнеплодной репы Shogoin, Purple Top White Globe и образец Raab salad, возможно, являющийся брокколетто. Линии ДН несут признаки предковых сортов. Имеющиеся в коллекции образцы японской репы Shogoin обладают белым корнеплодом, причем белая окраска корнеплода является рецессивным признаком. Некоторые линии ДН так же обладают белым корнеплодом, вероятнее всего, они являются гомозиготами по рецессивному признаку «окраска корнеплода». Толстый осевой корень, отсутствующий у предковых корнеплодных реп Shogoin, Purple Top White Globe и Roots, но имеющийся у некоторых линий ДН, возможно, унаследован от предковой формы Raab salad. Признаки «короткая прямостоячая листовая розетка», «плоская форма корнеплода» отсутствуют у родительских форм в чистом виде, и, скорее всего, обуславливается сочетанием гомозиготных аллелей родительских форм, использованных при создании образца Roots.

Таким образом, производство линий удвоенных гаплоидов на основе сложных гибридных сортов представляет собой перспективный метод получения новых форм культурных растений, несущих стабильные сочетания ценных для селекции признаков.

Список литературы

1. Изучение и поддержание мировой коллекции корнеплодов (свекла, репа, турнепс, брюква) / составители: В.И. Буренин, Э.А. Власова, В.В. Воскресенская ; под редакцией В.И. Буренина. Ленинград: ВИР, 1989. 166 с.
2. Shumilina D., Kornukhin D., Domblides E., Soldatenko A., Artemyeva A. Effects of Genotype and Culture Conditions on Microspore Embryogenesis and Plant Regeneration in *Brassica Rapa* ssp. *Rapa* L. // Plants. 2020. Vol. 9, No. 2. Article ID: 278. DOI: 10.3390/plants9020278
3. The Cucurbit Genetics Cooperative (CGC). Vegetable Cultivar Descriptions for North America – Turnip. URL: <https://cucurbit.info/2016/06/turnip/> (дата обращения: 13.05.2022)

ВЛИЯНИЕ ПАТОГЕНА *SEPTORIA GLYCINES* НЕММИ НА ФОРМИРОВАНИЕ УРОЖАЙНОСТИ И БИОХИМИЧЕСКИХ ПОКАЗАТЕЛЕЙ СОИ В УСЛОВИЯХ ПРИМОРСКОГО КРАЯ

Л. М. Лукьянчук, Е. С. Бутовец, Е. А. Васина

Федеральный научный центр агробιοтехнологий Дальнего Востока им. А.К. Чайки,
Уссурийск, Россия, otdelsoy@mail.ru

THE EFFECT OF *SEPTORIA GLYCINES* HEMMI ON YIELD AND BIOCHEMICAL PARAMETERS IN SOYBEAN UNDER THE CONDITIONS OF PRIMORSKY TERRITORY

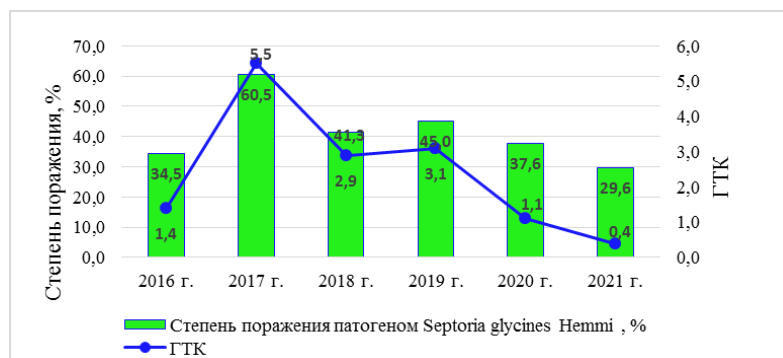
L. M. Lukyanchuk, E. S. Butovets, E. A. Vasina

Federal Scientific Center of Agricultural Biotechnology of the Far East named after
A.K. Chaika, Ussuriysk, Russia, otdelsoy@mail.ru

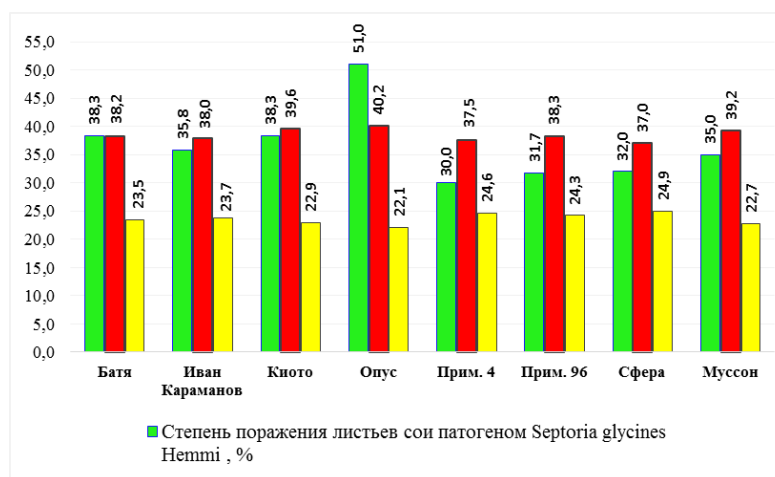
Для снижения пестицидного прессинга на агроценозы, необходимо использование сортов сои, устойчивых к вредоносным патогенам (грибным, бактериальным и вирусным). Целью исследований было оценить влияние патогена *Septoria glycines* Hemmi на формирование хозяйственно ценных признаков и биохимических показателей районированных сортов сои в условиях Приморского края.

Для оценки влияния климатического фактора на развитие фитопатогена *S. glycines* на листовой пластине растения сои, использовали гидротермический коэффициент.

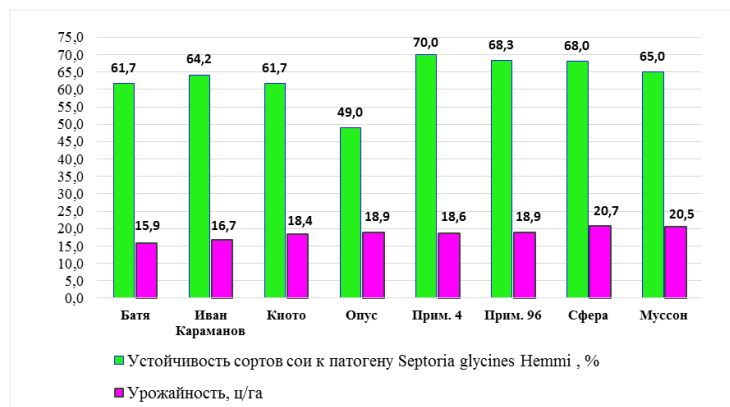
Анализируя значений ГТК в фазу формирования репродуктивных органов сои присутствовали периоды избыточного увлажнения (ГТК от 5,5 до 2,9), оказавшие благоприятное влияние на степень развития септориоза, значения которого были выше 40,0%. Слабое проявление патогена на растениях сои наблюдалось в 2021 году, который характеризовался выраженным недостатком увлажнения, повышенным температурным фоном и низким значением гидротермического коэффициента (0,4).



При оценке биохимических показателей семян сои в экологическом испытании, отмечено наибольшее накопление белка у сортов – ‘Опус’, ‘Киото’ и ‘Муссон’. Высокие показатели по белку и поражению септориозом выявлены только у канадского сорта ‘Опус’, значения составили 40,2% и 51,0%, соответственно. По результатам корреляционного анализа выявлены прямые сильные достоверные связи степени поражения септориозом с содержанием белка в семенах ($r = 0,83$). При этом патоген абсолютно противоположно коррелировал с накоплением масла у сортов, что подтверждается обратной связью значения ($r = -0,84$). Более высокой масличностью характеризовались сорта российской селекции – ‘Сфера’, ‘Приморская 4’ и ‘Приморская 96’.



По иммунологической характеристике, согласно шкале определения болезнеустойчивости, тестируемые сорта сои были отнесены к группе среднеустойчивых, за исключением образца ‘Опус’, проявившего восприимчивость к инфекции. Отмечено варьирование величины урожайности, в зависимости от уровня генетической устойчивости сортов сои к фитопатогену *S. glycines*. За три года испытания наибольшая урожайность зафиксирована у сортов ‘Сфера’ и ‘Муссон’ (20,7 и 20,5 ц/га, соответственно), более высокий уровень устойчивости к болезни – у российских сортов приморской селекции (‘Приморская 4’, ‘Приморская 96’, ‘Сфера’ и ‘Муссон’).



Коэффициент корреляции между урожайностью и устойчивостью сортов к заболеванию представляет слабую прямую связь ($r = 0,19$), что свидетельствует о незначительном воздействии патогена на формирование урожая. По результатам корреляционного анализа выявлены обратные средние достоверные связи некоторых элементов структуры урожая со степенью поражения растений сои, показатель составлял от $-0,54$ до $-0,65$. Обнаруженная связь, доказывает негативное воздействие грибного заболевания на развитие и образование репродуктивных органов растений сои, подавляя генетический потенциал сортов.

СЕЛЕКЦИОННАЯ ОЦЕНКА РЕАКЦИИ НА ЦМС У ЛИНИЙ КУКУРУЗЫ СЕЛЕКЦИИ НИИ ЗЕМЛЕДЕЛИЯ АЗЕРБАЙДЖАНА

Х. Р. Мамадова¹, М. Р. Фирсова², М. Ю. Хакулова³, Э. Б. Хатефов⁴

¹Научно-исследовательский институт земледелия, Баку, Азербайджан, 01helime@gmail.com

²ООО Инновационно-производственная агрофирма «ОТБОР», Кабардино-Балкарская республика, Россия, milagonikova001@gmail.com

³Россельхозцентр по Кабардино - Балкарской республике, Нальчик, Россия, Khakulova98mil.ru

⁴Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова, Санкт-Петербург, haed1967@rambler.ru

BREEDING EVALUATION OF THE RESPONSE TO CMS IN CORN BREEDING LINES OF THE AZERBAIJAN AGRICULTURAL RESEARCH INSTITUTE

Kh. R. Mamadova¹, M. R. Firsova², M. Yu. Khakulova³, E. B. Khatefov⁴

¹Research Institute of Agriculture, Baku, Azerbaijan, 01helime@gmail.com

²LLC Innovative-production agricultural firm OTBOR, Kabardino-Balkarian Republic, Russia, milagonikova001@gmail.com

³Rosselkhoztsentr for the Kabardino-Balkarian Republic, Nalchik, Russia, Khakulova98mil.ru

⁴N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources, St. Petersburg, Russia, haed1967@rambler.ru

Явление ЦМС нашло широкое применение в селекции и семеноводстве гибридной кукурузы. Она передается потомству в течение неопределенно многих поколений только по материнской линии и поэтому называется цитоплазматической. Признак мужской стерильности растений кукурузы проявляется в фенотипе в виде отсутствия выхода

пыльников из мужских цветков на метелке, либо наличия в пыльниках нежизнеспособной пыльцы. В селекционной практике кукурузы описано свыше 130 различных источников ЦМС (Gorbacheva, 2019) из которых в практической селекции нашли широкое применение техасский (Т), боливийский (Б), как один из аналогов техасского типа, молдавский (М) и си (С), обнаруженный в сорте 'Charrua' из Бразилии (Gontarovskiy, 1980). Различные типы стерильности различаются по фенотипическому проявлению. Контроль признаков стерильности и восстановления фертильности при каждом типе осуществляется разными генами. Для ЦМС Т-типа это гены *Rfl* и *Rf2*, для Б-типа – *Rfl* и *Rfvar*, для М-типа – *Rf3*, для С – три комплементарных доминантных гена *Rf4*, *Rf5* и *Rf6* (Beckett, 1971; Gorbacheva, 2019) при их взаимодействии с митохондрионом, который определяет тип цитоплазмы материнского растения. В настоящее время в практической селекции используется ЦМС М- и С-типа. На территории России с 1990 года Т-тип ЦМС запрещен для использования в семеноводстве гибридной кукурузы из-за его восприимчивости к расе Т *Helminthosporium maydis* Y. Nisik & S.

Исследования проводили на территории ООО ИПА ОТБОР в 2021 году. Материалом исследования служили потомства от скрещиваний между 86 редиплоидными линиями селекции ВИР с 8 стерильными тестерами на основе М- и С-типов ЦМС селекции Всероссийского научно-исследовательского института кукурузы, Научного центра зерна им. П.П. Лукьяненко, агрофирмы ОТБОР и Института сельского хозяйства – филиала Кабардино-Балкарского научного центра РАН, относящихся к различным группам спелости по классификации ФАО (Food Agricultural Organization, <http://www.fao.org>). Всего изучены 154 гибридные комбинации. В качестве стандартов были использованы гибриды F₁ Машук 171 МВ, Р8521, Дарина МВ, Машук 220 МВ, Машук 355 МВ, Краснодарский 291 АМВ, ДКС 5007, Машук 355 МВ, Камилла СВ.

Анализ уровня фертильности пыльцы гибридных растений проводили по 7-балльной шкале, предложенной Г. С. Галеевым (1962), согласно которой:

Балл 0 – полная стерильность, пыльники сильно дегенерированы, не содержат жизнеспособной пыльцы и не выходят из колосков;

Балл 1 – в период цветения единичные пыльники (до 12%) выходят из колосков, но они остаются закрытыми;

Балл 2 – в период цветения пыльники выходят из колосков (до 25%), но остаются закрытыми;

Балл 3 – единичные пыльники открыты и выбрасывают пыльцу, метелка (мужское соцветие) почти вся (до 37%) стерильна;

Балл 4 – до 50% пыльников на соцветии нормально развиты, хорошо пылят, образуют много пыльцы;

Балл 5 – стерильны единичные пыльники;

Балл 6 – все пыльники открыты и пылят, цветение проходит нормально.

Растениям кукурузы с полной стерильностью соответствуют баллы 0, 1, 2. Баллы 3 и 4 характеризуют полустерильные метелки с частично восстановленной фертильностью. Баллы 5 и 6 соответствуют полному восстановлению фертильности.

В результате определения реакции линий на ЦМС выявлены генотипы, способные как полностью, так и частично восстанавливать фертильность пыльцы или закреплять стерильность. Линии с неполной закрепительной и восстановительной способностью были отнесены к линиям с неустановленной реакцией и исключены из общего числа линий, учтенных в опыте. Остальные линии были распределены на 6 групп по длине межфазного периода «всходы – цветение початка» (выход рылец из-под оберток початка). Такой подход к определению времени фазы цветения основан на том, что учесть время цветения метелок и выброса пыльников у стерильных гибридов невозможно. При оценке закрепительной способности в выборку закрепителей стерильности включили только те линии, гибриды с участием которых показали баллы 0 и 1 по шкале Г. С. Галеева (1962), а в число восстановителей стерильности – линии, для которых уровень фертильности гибридов

соответствовал баллам 5 и 6. Линии кукурузы со значениями уровня фертильности от 2 до 4 баллов включительно были отнесены к неполным закрепителям стерильности или неполным восстановителям фертильности. Всего по результатам тестерных скрещиваний было выделено 16 линий, закрепляющих признак ЦМС. Среди них 5 линий закрепляли стерильность с ЦМС М-типа, 9 линий – с ЦМС С-типа и 2 линии закрепляли стерильность при обоих типах ЦМС, 7 линий восстанавливали фертильность при ЦМС М-типа, 4 линии – ЦМС С-типа. Универсальных восстановителей не выделено.

Список литературы

1. Галеев Г.С. Результаты изучения и селекционного использования цитоплазматической мужской стерильности кукурузы на Кубанской опытной станции ВИР // Цитоплазматическая мужская стерильность в селекции и семеноводстве кукурузы. Киев, 1962. С. 8–38.
2. Гонтаровский В.А. Генетический контроль боливийского типа ЦМС у кукурузы // Генетика. 1980. Т. 16, № 1. С. 143–155.
3. Горбачева А.Г. Открытие и генетическая идентификация типов ЦМС у кукурузы // Кукуруза и сорго. 2019. № 2. С. 22–34. DOI: 10.25715/KS.2019.2.31830
4. Beckett J.B. Classification of Male-Sterile Cytoplasms in Maize (*Zea mays* L) // Crop Science. 1971. Vol. 11, No. 5. P. 724–727. DOI: 10.2135/cropsci1971.0011183X001100050037x

АЛЛЕЛЬНЫЙ ПОЛИМОРФИЗМ ТАРГЕТНОГО УЧАСТКА ВЗАИМОДЕЙСТВИЯ С ВИРОИДОМ ГЕНА *StTCP23* У СОРТОВ КАРТОФЕЛЯ

Н. В. Мироненко*, А. В. Хютти, Н. М. Лашина, О. С. Афанасенко

Всероссийский научно-исследовательский институт защиты растений, Пушкин, Санкт-Петербург, Россия, *nina2601mir@mail.ru

ALLELIC POLYMORPHISM OF THE TARGETED SITE OF INTERACTION WITH THE VIROID OF THE *STTCP23* GENE IN POTATO VARIETIES

N. V. Mironenko*, A. V. Khutti, N. M. Lashina, O. S. Afanasenko

All-Russian Research Institute of Plant Protection, Pushkin, St. Petersburg, Russia, e-mail: *nina2601mir@mail.ru

Solanum tuberosum – культурный картофель, широко возделывается в РФ и имеет первостепенное значение как один из основных продуктов питания. Опасное карантинное заболевание – готика картофеля, вызывается виroidом веретеновидности клубней картофеля (ВВКК=PSTVd – potato spindle tuber viroid). Механизмы патогенеза вироида в растении-хозяине изучены в большей степени на растениях томатов. Предполагают, что малые РНК производные вироида (vd-sRNA) индуцируют в растении сайленсинг некоторых генов, что приводит к снижению их экспрессии и проявлению фенотипических признаков болезни. Механизмы сайленсинга генов слабо изучены для патосистемы *S. tuberosum*-PSTVd, что в большей степени обусловлено тетраплоидным состоянием генома картофеля. Известно, что ген фактора транскрипции картофеля *StTCP23* в 3' нетранслируемой области имеет таргетный участок комплементарный vd-sRNA из области VMR (45–67 н.) ВВКК, отвечающей за патогенность (Bao et al., 2019). В данной работе мы впервые рассмотрели возможность предсказания взаимодействий таргетных участков различных аллелей гена *StTCP23* с vd-sRNA ВВК. Материалом исследования служили растения 8 районированных сортов картофеля, из которых была выделена

тотальная РНК, получены ампликоны кДНК участка гена *StTCP23*, включающего 3' UTR область. Было секвенировано по 6 клонов каждого ампликона и охарактеризован аллельный состав таргетных участков 3' UTR области. Всего выявлено 7 типов аллелей, обозначенных А-Г. Для каждой аллели представлена гипотетическая схема взаимодействия таргетного участка мРНК 3' UTR *StTCP23* с участком VMR (45–67 н.) виroidного генома, общим для 4-х штаммов ВВКК, распространенных в РФ и использованных для заражения исследуемых сортов картофеля. Оценили количество комплементарных пар в гипотетических дуплексах и на этом основании предсказательную функцию структуры аллеля и степени поражаемости сорта виroidом.

Работа поддержана грантом РФФ № 20-46-07001.

ЭМБРИОГЕНЕЗ И ПРОРАСТАНИЕ МИКРОСПОРОГЕННЫХ ЭМБРИОИДОВ РАСТЕНИЙ *BRASSICA*: ГЕНОТИПСЕЦИФИЧНОСТЬ И ВНЕШНИЕ ФАКТОРЫ

С. Г. Монахос, А. В. Вишнякова, А. А. Синицына

Российский государственный аграрный университет – МСХА им. К.А. Тимирязева,
Москва, Россия, s.monakhos@rgau-msha.ru

BRASSICA MICROSPORE EMBRYOGENESIS AND EMBRYO GERMINATION: GENOTYPE SPECIFICITY AND EXTERNAL FACTORS

S. G. Monakhos, A. V. Vishnyakova, A. A. Sinitsyna

Russian State Agrarian University – Moscow Timiryazev Agricultural Academy, Moscow,
Russia, s.monakhos@rgau-msha.ru

Современные селекционные программы создания F₁-гибридов капустных культур включают этап пребридингового создания линий удвоенных гаплоидов (DH line). Необходимость вовлечения в селекционный процесс как можно более широкого генетического разнообразия внутри культурных видов *Brassica* предъявляет к DH-технологии требование снижения генотипспецифичности эмбриогенеза в культуре изолированных микроспор (ИМС). Актуальность сокращения продолжительности ИМС-технологии от изоляции микроспор до укоренения/адаптации семян/проростков для двухлетних культур *Brassica*, требует от DH-технологии прямого прорастания микроспорогенных эмбриоидов или гарантированной регенерации проростков.

Целью данного исследования является изучение влияния внешних факторов на генотипспецифичность эмбриогенеза и частоту прямого прорастания микроспорогенных эмбриоидов растений *Brassica*.

В работе использовали протокол культуры изолированных микроспор по (Custers, 2003), генетическую коллекцию гомозиготных гомогенных и гетерозиготных гетерогенных образцов капусты *Brassica oleracea* L., представленного 4 разновидностями: белокочанная (var. *capitata* L.), кольраби (var. *gongylodes* L.), брокколи (var. *italica* Plenck), листовая (var. *acephala* DC.).

В результате исследования установлены новые данные в отношении генотипспецифичности эмбриогенной отзывчивости в культуре изолированных микроспор гомозиготных (ЛУГ, инбредные линии) и гетерозиготных генотипов (F₁-гибриды, линии высокой степени гетерозиготности) капусты белокочанной (*B. oleracea*) – изученные образцы капусты белокочанной имеют эквивалентные доли высоко и средне ИМС-отзывчивых образцов. Показана высокая положительная связь прямого прорастания эмбриоидов с их морфологической зрелостью. В результате исследования показан эффект

низкотемпературной обработки эмбрионидов *B. oleracea* на частоту их прямого прорастания – инкубирование микроспорогенных эмбрионидов капусты кольраби при 5°C в течение 72 часов увеличивает частоту прямого прорастания не менее чем в 2 раза, а частоту образования проростков/сеянцев в 1,3 раза.

Полученные теоретические знания позволят усовершенствовать этапы культуры изолированных микроспор *Brassica* и повысить эффективность ДН-технологии в соответствии с требованиями современных селекционных программ.

ЦИТОГЕНЕТИЧЕСКАЯ ХАРАКТЕРИСТИКА ФОРМ ПШЕНИЧНОГО ТИПА, ОТОБРАННЫХ В ПОТОМСТВЕ ГИБРИДОВ ОТ СКРЕЩИВАНИЯ МЯГКОЙ ПШЕНИЦЫ ИЗ КИТАЯ С РОЖЬЮ ПОСЕВНОЙ

Г. И. Пендинен*, В. П. Пюккенен, О. П. Митрофанова

Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова, Санкт-Петербург, Россия, pendinen@mail.ru

CYTOGENETIC CHARACTERISTIC OF WHEAT-TYPE FORMS OBTAINED IN PROGENY OF CROSSES BETWEEN BREAD WHEAT FROM CHINA AND CULTIVATED RYE

G. I. Pendinen*, V. P. Pyukkenen, O. P. Mitrofanova

N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources, St. Petersburg, *pendinen@mail.ru

С целью вовлечения генетического разнообразия озимой мягкой пшеницы из Китая в отечественную селекцию и более полного сохранения ее генетической основы, были созданы пшенично-ржаные гибриды (Пюккенен и др., 2019). С использованием GISH, фертильные растения в поколениях F₂ и F₃ этих гибридов условно были объединены в две группы: 1) с полным диплоидным набором хромосом геномов А и В пшеницы, R ржи и элиминацией хромосом генома D, то есть стабилизацией геномного состава AABBRR; 2) с полным набором хромосом мягкой пшеницы AABBDD, но с разным числом хромосом генома R ржи (Пюккенен, Пендинен, 2015). В потомстве растений из второй группы были отобраны формы пшеничного типа, не отличающиеся по морфологическим признакам от мягкой пшеницы. В F₄–F₆ гибридов (*Triticum aestivum* к-61263 × *Secale cereale* Ильмень), (*T. aestivum* Л9-ХСР × *S. cereale* Л434) и (*T. aestivum* Л19-ХСР × *S. cereale* 434) с использованием GISH изучили геномный и хромосомный состав этих форм.

GISH-анализ растений пшеничного типа у гибрида F₄ (*T. aestivum* к-61263 × *S. cereale* Ильмень) показал, что все растения имели полный набор хромосом мягкой пшеницы, то есть генетический материал ржи у них практически полностью элиминирован. Из восьми изученных растений у двух выявлено по 1tc ржи, у других двух – одна и две хромосомы ржи, а у трех – рекомбинантные хромосомы. Так, у одного растения одна из хромосом генома D содержала генетический материал генома А, у другого – одна из хромосом генома А была с генетическим материалом генома D, у третьего растения были выявлены две хромосомы генома D с генетическим материалом генома В. Выявленные изменения в составе генетического материала хромосом имели терминальное положение и небольшой едва различимый с помощью GISH размер. Вероятно, они являются результатом гомеологичного спаривания и рекомбинации хромосом различных субгеномов мягкой пшеницы.

Анализ растений пшеничного типа из двух семей гибрида (*T. aestivum* Л9-ХСР × *S. cereale* Л434) показал, что все они имеют геномный состав AABBDD, при этом

в потомстве одного растения обнаружено, что две хромосомы генома D гибридизируются с ДНК генома В в субтерминальном участке.

У большинства растений F₅ гибрида (*T. aestivum* Л16-ХСР × *S. cereale* 434) присутствовали две хромосомы ржи при полном наборе хромосом пшеницы. Анализ с использованием меченой 18s/25s rДНК в пробе для гибридизации показал, что пара хромосом ржи – спутничная хромосома 1R. У ряда растений были выявлены хромосомы А и В геномов с очень маленькими терминальными участками генома D. Отличительной особенностью этой комбинации было наличие у всех растений пары перестроенных хромосом генома D, несущих терминально расположенный фрагмент с последовательными метками – концевой, соответствующей гибридизации с ДНК генома В *Aegilops speltoides*, и прилегающей к ней субтерминально небольшой участок плеча хромосомы, меченый ДНК генома А. Следует отметить, что у растений из этой семьи не выявлен генетический материал генома В ни в одной из хромосом генома А. Но одна из пар хромосом генома А этих растений имела очень маленький, едва различимый терминальный фрагмент, детектируемый не во всех клетках, который по результатам GISH соответствовал генетическому материалу генома D. Известно, что длинное плечо хромосомы 4A имеет сложные перестройки, включая последовательно от терминального конца фрагмент 7BS (гомеологичный 7DS), затем участок, гомологичный 4AL (гомеологичный 4DL), затем участок, гомологичный 5AL (гомеологичный 5DL), далее в направлении к центромере – 7 BS (гомеологичный 7), 4AL, 4AS, 4AL (Devos et al., 1995; Ma et al, 2014). Таким образом, можно предположить, что в мейозе исходного гибрида F₁ произошла рекомбинация между хромосомой 4A и ее гомеологом из генома В, но этот вопрос требует специального изучения.

Таким образом, проведенный цитогенетический анализ форм пшеничного типа, отобранных из межродовых гибридов мягкой пшеницы из Китая с рожью посевной, показал, что в большинстве случаев полученные формы имеют геномный состав AABBDD, но у них может присутствовать как генетический материал ржи, так и выявляться межгеномные перестройки хромосом. Особый интерес представляют формы с геномным составом (14xpA+14xpB+14xpD+2xpR), отобранные в потомстве гибрида (*T. aestivum* Л19-ХСР × *S. cereale* 434). Растения этих форм высоко фертильны и представляют собой линии мягкой пшеницы, содержащие пару хромосом 1R генома ржи.

Список литературы

1. Пюккенен В.П., Пендинен Г.И. Получение стабильных аллополиплоидных линий на основе частично фертильных гибридов F₁ пшеницы *Triticum aestivum* L. происхождением из Китая с рожью *Secale cereale* L. // Научное обеспечение агропромышленного комплекса на современном этапе : материалы Международной научно практической конференции. Ростов-на-Дону, 2015. С. 37–44.
2. Пюккенен В.П., Пендинен Г.И., Митрофанова О.П. Особенности первичных гибридов от скрещивания мягкой пшеницы из Китая с рожью посевной // Генетика. 2019. Т. 55, № 11. С. 1253–1262. DOI: 10.1134/S0016675819110110
3. Devos K.M., Dubcovsky J., Dvorak J., Chinoy C.N., Gale M.D. Structural evolution of wheat chromosomes 4A, 5A, 7B and its impact on recombination // Theoretical and Applied Genetics. 1995. Vol. 91. P. 282–288. DOI: 10.1007/BF00220890
4. Ma J., Stiller J., Wei Y., Zheng Y.-L., Devos K.M., Dolezel J., Lui Ch. Extensive pericentric rearrangement in the bread wheat (*Triticum aestivum* L.) genotype “Chinese Spring” revealed from chromosome shotgun sequence data // Genome biology and evolution. 2014. Vol. 6, No. 11. P. 3039–3048. DOI: 10.1093/gbe/evu237

ВЗАИМОСВЯЗЬ ГЕНЕТИЧЕСКОГО ПРОФИЛЯ С ЗЕЛЕННОЙ И КРАСНОЙ ОКРАСКОЙ ЛИСТЬЕВ У СОРТОВ САЛАТА ПОСЕВНОГО

А. С. Попова*, А. О. Старухина, С. В. Матвеева, В. Г. Зайцев

Федеральный научный центр агроэкологии, комплексных мелиораций и защитного лесоразведения Российской академии наук, Волгоград, Россия, *popova-a@vfanc.ru

RELATIONSHIP OF GENETIC PROFILES WITH GREEN AND RED COLOUR OF LEAVES IN LETTUCE VARIETIES

A. S. Popova*, A. O. Staruhina, S. V. Matveeva, V. G. Zaitsev

Federal Scientific Centre of Agroecology, Complex Melioration and Protective Afforestation of the Russian Academy of Sciences, Volgograd, Russia, *popova-a@vfanc.ru

Для антоцианов установлена доказанная польза для здоровья человека (Zaitsev et al., 2019). Одним из источников антоцианов являются сорта салата посевого с красными листьями. Однако выраженность окраски существенно зависит от условий выращивания, так как синтез антоцианов подвержен эпигенетическому контролю при участии различных транскрипционных факторов (TFs). Ключевой фермент синтеза антоцианов антоцианидин синтаза (ANS) имеет две формы – функциональную и не функциональную. Замена единичного нуклеотида в определенном положении последовательности гена ANS приводит к образованию раннего стоп-кодона и, соответственно, биосинтезу укороченной неактивной формы фермента. Только растения с функциональной формой ANS могут синтезировать антоцианы и иметь красный цвет листьев (Wei et al., 2021). Однако наличие функциональной формы ANS не является достаточным условием для продукции антоцианов, поскольку экспрессия гена регулируется рядом транскрипционных факторов, которые выступают в роли стимуляторов или супрессоров биосинтеза антоцианов (Zaitsev et al., 2019). Было показано, что наибольшее влияние на регуляцию биосинтеза антоцианов оказывают RLL1 и RLL2 (Su et al., 2020; Wei et al., 2021). Однако молекулярные маркеры продукции антоцианов у салата посевого изучены недостаточно. Целью данной работы было установить взаимосвязь полиморфизма генов некоторых TFs и ANS с окраской листьев у различных сортов салата посевого.

Анализ проводился на образцах 62 сортов салата посевого, 20 из которых (32%) имели красные листья. В работе были изучены полиморфизмы в генах RLL1, RLL2A, RLL2B, ANS с помощью ПЦП с последующим электрофорезом в агарозном геле. Однонуклеотидную замену в ANS детектировали SNP-специфичной ПЦП. Нами были разработаны праймеры для оценки полиморфизмов, основываясь на нуклеотидных последовательностях из работ (Su et al., 2020; Wei et al., 2021) и на геномных и транскриптомных данных из баз данных NCBI. Отличия в частотах выявления определенных маркеров у салатов с разным цветом листьев оценивали точным критерием Фишера. Кластеризацию по степени сходства проводили методом главных компонент (PCA – Principal component analysis) с помощью ClustVis (<https://biit.cs.ut.ee/clustvis/>).

По нефункциональной форме ANS были гомозиготны 35 из 42 зеленых сортов, по функциональной форме гомозиготны 15 из 20 красных и 2 из 42 зеленых сортов. Следовательно, у этих 2 зеленых сортов отсутствие синтеза антоцианов определяется исключительно действием транскрипционных факторов. Ген RLL2A встречался у всех красных сортов и у 25 зеленых, частота встречаемости у красных и зеленых сортов отличалась статистически значимо ($p = 0,002$). Аллельный вариант гена *RLL2B-Y37* статистически значимо отличался у красных и зеленых сортов ($p = 0,028$). Для остальных маркеров статистически значимых отличий в частоте их выявления между красными и зелеными сортами салатов не было обнаружено. С использованием всех генетических маркеров была проведена кластеризация сортов салата методом PCA (рисунок). Было

обнаружено, что использование PC1 и PC2 позволяет достаточно хорошо дифференцировать красные и зеленые сорта. Таким образом PCA показывает, что использованный набор маркеров позволяет достаточно хорошо оценить генетические различия между красными и зелеными сортами. В тоже время было обнаружено совпадение профиля зеленого сорта салата 'Букет' с профилями красных сортов 'Бакус' и 'Рубин', а также красных сортов 'Кантри' и 4 сезона с зелеными сортами 'Московский парниковый' и 'Одесский кучерявец'.

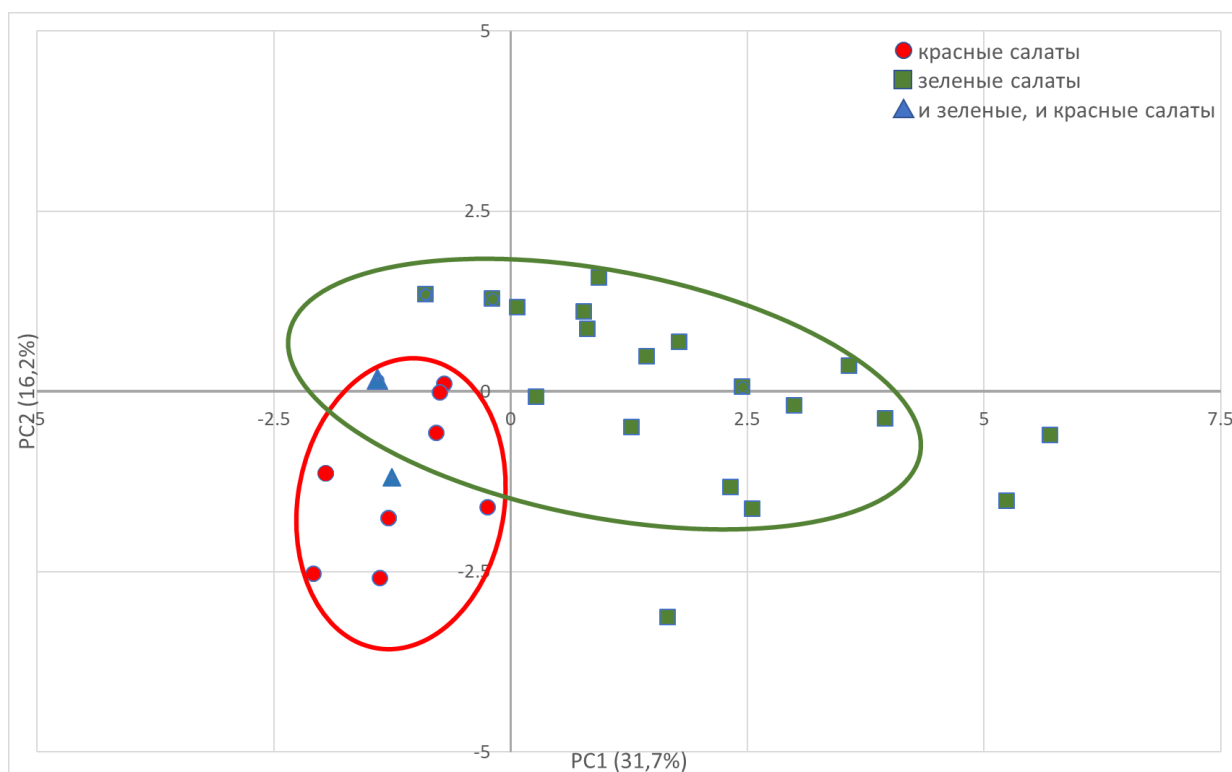


Рисунок. Кластеризация сортов салата посевого с красной и зеленой окраской листьев методом главных компонент

Окраска листьев за счет продукции антоцианов зависит от аллельного профиля генов ANS и регуляторных транскрипционных факторов. Вариант Y37 гена *RLL2B* встречается преимущественно в зеленых сортах. Напротив, ген *RLL2A* был обнаружен во всех красных сортах и отсутствовал почти у половины зеленых сортов. Предложенный набор маркеров подходит для генетического анализа сортов салатов с красными и зелеными листьями.

Список литературы

1. Su W., Tao R., Liu W. et al. Characterization of four polymorphic genes controlling red leaf colour in lettuce that have undergone disruptive selection since domestication // *Plant Biotechnology Journal* 2020. Vol. 18, No. 2. P. 479–490. DOI: <https://doi.org/10.1111/pbi.13213>
2. Wei T., van Treuren R., Liu X. et al. Whole-genome resequencing of 445 *Lactuca* accessions reveals the domestication history of cultivated lettuce // *Nature Genetics*. 2021. Vol. 53. P. 752–760. DOI: [10.1038/s41588-021-00831-0](https://doi.org/10.1038/s41588-021-00831-0)
3. Zaitsev V.G., Ivashchenko R.Yu., Kurkina D.A., Popova A.S. Toward Human Health-Promoting Food Plants: Perspectives of Marker-Assisted Breeding of Anthocyanin-Rich Lettuce // *European Journal of Molecular Biotechnology*. 2019. Vol. 7, No. 1. P. 40–46. DOI: [10.13187/ejmb.2019.1.40](https://doi.org/10.13187/ejmb.2019.1.40)

ГЕННО-ИНЖЕНЕРНЫЕ МЕТОДОЛОГИИ ДЛЯ РАСШИРЕНИЯ ГЕНЕТИЧЕСКИХ РЕСУРСОВ РАСТЕНИЙ

Н. И. Рекославская*, Р. К. Салаяев, А. С. Столбиков

Сибирский институт физиологии и биохимии растений Сибирского отделения Российской академии наук, Иркутск, Россия, *rekoslavskaya@sifibr.irk.ru

GENETIC ENGINEERING METHODOLOGIES FOR EXPANDING OF PLANT GENETIC RESOURCES

N. I. Rekoslavskaya*, R. K. Salyaev, A. S. Stolbikov

Siberian Institute of Plant Physiology and Biochemistry of the Siberian Branch of the Russian Academy of Sciences, Irkutsk, Russia, *rekoslavskaya@sifibr.irk.ru

Методология трансгенных растений значительно расширила области применения растительных материалов, в том числе созданных с помощью инсерции и экспрессии чужеродных генов с высокой хозяйственной, медицинской, социальной и пищевой полезностью. В своей работе создавали пероральные («съедобные») вакцины против опасных инфекционных заболеваний, таких как ВИЧ/СПИД, гепатит В, папилломавирусы высокого и малого риска канцерогенеза, на основе растительной экспрессионной системы в плодах трансгенного по соответствующему целевому гену томата. Высокая экспрессия антигенных белков в трансгенных растениях создавалась сочетанием агробактериальной инсерции генетических конструкций, в которые были помещены вирусные регуляторные гены и композиционные элементы, усиливающие трансляцию вирусных антигенных белков в микроокружении растительной клетки. В конструкциях использовали последовательности регуляторного гена РНК зависимой РНК полимеразы вируса CMV (*Cucurbita mosaic virus*) RdRP (RNA 2a) и сопряженной с ней последовательности гена, кодирующего высокоэффективный белок – блокатор интерференции (RNA 2b). Совмещение стабильного агробактериального вектора, высокоскоростной вирусной репликазы и белка-антисайленсера позволило повысить продуктивность синтеза антигенных белков до 25–30% выхода в расчете на общий растворимый белок растения. Высокой аккумуляции антигенных белков также способствовали строгость трансляции вирусных белков и точного соблюдения последовательности матрицы, присущая растениям. С другой стороны, накопление гетерологических белков стало возможным благодаря их стабильности вследствие несоответствия рН оптимумов вирусных, бактериальных и растительных протеаз.

Папилломавирусы (ПВ) представляют собой одни из древнейших вирусов, к настоящему времени определено 450 типов вирусов у позвоночных и беспозвоночных животных, а также в растениях. Широкое распространение ПВ объясняют коэволюцией хозяйских организмов. ПВ подразделяют на высококанцерогенные типы и типы с низким риском канцерогенеза. По данным ВОЗ, практически все население Земли является носителями ПВ. Все возрастающий прирост канцерогенеза также подразумевает участие ПВ высокого риска. К тому же возрастает инфицированность природных ресурсов ПВ высокого риска, которые обнаруживаются в воде, в почве, в растениях и сельскохозяйственной и пищевой продукции, при этом предполагается занос в природную экосистему ПВ вследствие антропогенного фактора. По данным наших анализов, подтверждается присутствие ПВ в водных ресурсах даже в относительно чистой зоне Байкальского региона.

В геноме высококанцерогенного типа ВПЧ16 присутствует «ранние» онкогены ВПЧ16 Е6 и ВПЧ16 Е7, которые после инвазии ПВ привносят в ДНК хозяина значительные мутации, приводящие к канцерогенезу. «Ранний» белок ВПЧ16 Е2 является суперсупрессором экспрессии онкогенов Е6 и Е7, блокируя их транскрипцию в промоторе.

В нашей работе была создана экспериментальная модель канцерогенеза на мышах путем инъекции в бедренную мышцу раковых клеток HeLa. В результате у мышей самцов развивали опухоли семенников, а у самок и самцов введение клеток HeLa приводило к значительным морфологическим изменениям в легких: разрастанию долей, увеличению размера легких в 1,5–1,8 раза. Терапевтическое пероральное вакцинирование вакцинным материалом плодов томата, трансгенного по гену *hvp16 E2*, приводило к регрессии опухолей семенников и нормализации морфологии легких. Изолированные легкие мышей, инокулированные в суспензии раковых клеток HeLa на 2–5 сутки формировали как минимум 4 типа опухолей: круглые по периферии долей, центральные в области трахеи и входа в бронхи, периферические лопастные по долям легких, а также рак Пенкаста в верхних частях долей легких. Если в момент инокуляции с клетками HeLa вносили водный раствор гомогената вакцинного материала плодов с белком ВПЧ16 E2, то опухолевых разрастаний не было. В гистологических экспериментах на микротомных срезах после окраски гематоксилином по Carazzi в опухолевых легких обнаруживались обширные гиперхромные круглоклеточные зоны, которые по морфологии были сходны с круглоклеточной (мелкоклеточной) саркомой легких (рисунок, слева). Если при инокуляции был внесен вакцинный препарат плодов томата с белком ВПЧ16 E2, опухолевых зон гиперхромных клеток не обнаруживалось, а фиксировались паттерны нормальной паренхимы периферических клеток, гладкомышечные ткани и прослойки соединительнотканых клеток, а также бронхиолы (рисунок, справа).

Таким образом, вакцинный материал плодов томата с белком ВПЧ16 E2 мог быть использован для разработки вакцин против рака.

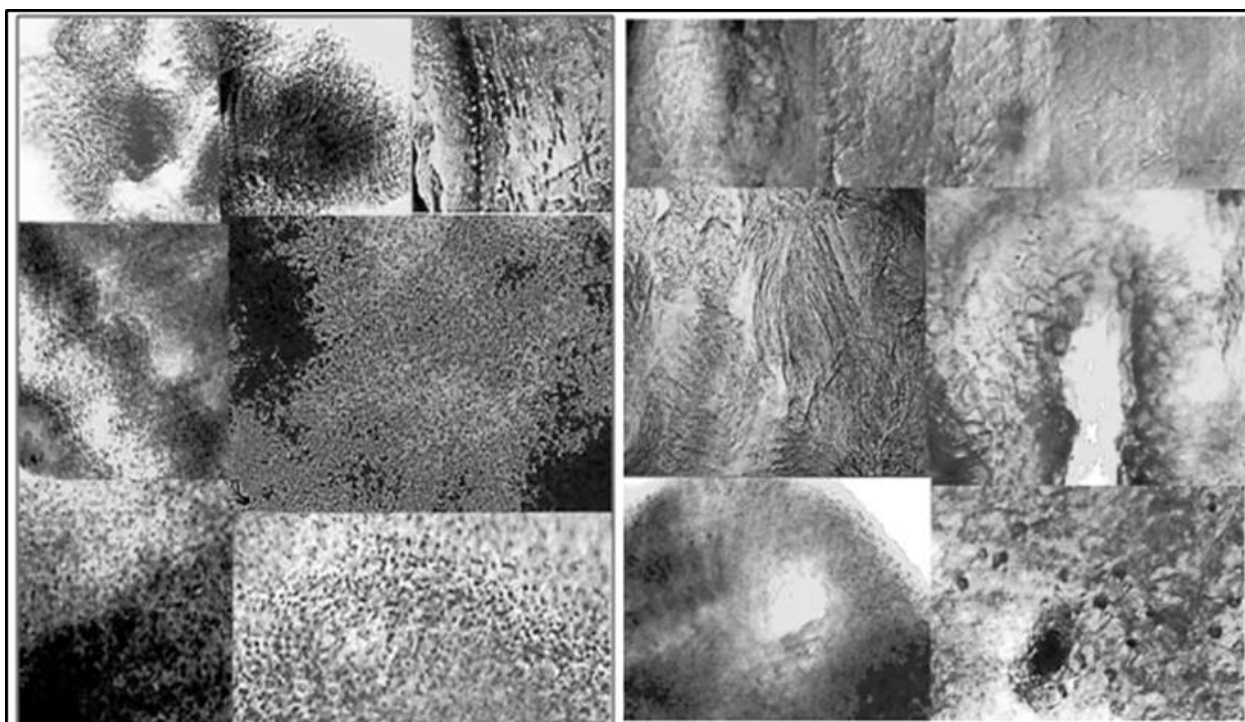


Рисунок. Слева – паттерны опухолевых клеток, справа – паттерны нормальных клеток легких мышей

ОПРЕДЕЛЕНИЕ АЛЛЕЛЬНЫХ КОМБИНАЦИЙ ГЕНОВ *VRN* ЯЧМЕНЯ ЗАРУБЕЖНОЙ И ОТЕЧЕСТВЕННОЙ СЕЛЕКЦИИ

Т. В. Семилет*, О. Н. Ковалева, Н. А. Швачко

Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова, Санкт-Петербург, Россия, *semilet_tatyana@mail.ru

DETERMINATION OF ALLELE COMBINATIONS OF *VRN* GENES IN BARLEY OF FOREIGN AND DOMESTIC BREEDING

T. V. Semilet*, O. N. Kovaleva, N. A. Shvachko

N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources, St. Petersburg, Russia,
*semilet_tatyana@mail.ru

Ячмень имеет важное значение как зернофуражная культура с высокими потребительскими свойствами. Адаптация ячменя к различным экологическим условиям обеспечивается широким спектром генов, который позволяет переходить растениям от вегетативной к репродуктивной стадии в более благоприятный период. Переход к раннему цветению контролируется сигналами окружающей среды, циркадными ритмами, работой системы генов. Потребность к низкой температуре и переход к фазе цветения определяется тремя генами *Vrn*: *Vrn-H1*, *Vrn-H2*, *Vrn-H3* (Karsai et al., 2005; Zitzewitz et al., 2005; Campoli et al., 2012a). Ввиду значимости генов, относящихся к системам *Vrn* нами, был проведен аллельный скрининг образцов ячменя из мировой коллекции ВИР. На сегодняшний день изучены аллельные варианты генов *Vrn* у 34 образцов ячменя зарубежной и отечественной селекции (таблица).

Таблица. Аллельные варианты генов *Vrn*, ассоциированные с потребностью к яровизации

№ ПП	Каталог	Происхождение	<i>Vrn-H1</i>	<i>Vrn-H2</i>	<i>Vrn-H3</i>
1	734	Армения	<i>Vrn-H1</i>	<i>Vrn-H2</i>	<i>Vrn-H3</i>
2	3477	Китай	<i>Vrn-H1</i>	<i>vrn-H2</i>	<i>Vrn-H3</i>
3	3967	Монголия	<i>Vrn-H1</i>	<i>Vrn-H2</i>	<i>Vrn-H3</i>
4	4846	Казахстан	<i>Vrn-H1</i>	<i>vrn-H2</i>	<i>vrn-H3</i>
5	4847	Казахстан	<i>Vrn-H1</i>	<i>vrn-H2</i>	<i>vrn-H3</i>
6	5045	Казахстан	<i>Vrn-H1</i>	<i>vrn-H2</i>	<i>vrn-H3</i>
7	5058	Туркменистан	<i>Vrn-H1</i>	<i>Vrn-H2</i>	<i>Vrn-H3</i>
8	5092	Казахстан	<i>Vrn-H1</i>	<i>Vrn-H2</i>	<i>Vrn-H3</i>
9	5195	Китай	–	–	–
10	5522	Казахстан	<i>Vrn-H1</i>	<i>vrn-H2</i>	<i>vrn-H3</i>
11	5854	Казахстан	<i>Vrn-H1</i>	<i>vrn-H2</i>	<i>vrn-H3</i>
12	6950	Узбекистан	<i>Vrn-H1</i>	<i>vrn-H2</i>	<i>Vrn-H3</i>
13	8506	Норвегия	<i>Vrn-H1</i>	<i>vrn-H2</i>	<i>vrn-H3</i>
14	8819	Италия	<i>Vrn-H1</i>	<i>Vrn-H2</i>	<i>Vrn-H3</i>
15	9247	Таджикистан	–	<i>Vrn-H2</i>	<i>vrn-H3</i>
16	9815	Ленинградская обл	<i>Vrn-H1</i>	<i>vrn-H2</i>	<i>Vrn-H3</i>
17	10089	Туркменистан	<i>Vrn-H1</i>	<i>vrn-H2</i>	<i>Vrn-H3</i>
18	10104	Туркменистан	<i>vrn-H1</i>	<i>Vrn-H2</i>	<i>vrn-H3</i>
19	10961	Япония	<i>Vrn-H1</i>	<i>Vrn-H2</i>	<i>Vrn-H3</i>

№ ПП	Каталог	Происхождение	<i>Vrn-H1</i>	<i>Vrn-H2</i>	<i>Vrn-H3</i>
20	11134	Япония	<i>Vrn-H1</i>	<i>Vrn-H2</i>	<i>Vrn-H3</i>
21	14815	Таджикистан	<i>vrn-H1</i>	<i>vrn-H2</i>	<i>vrn-H3</i>
22	14923	Таджикистан	<i>vrn-H1</i>	<i>Vrn-H2</i>	<i>Vrn-H3</i>
23	17217	Грузия	<i>Vrn-H1</i>	<i>vrn-H2</i>	<i>vrn-H3</i>
24	17227	Узбекистан	<i>Vrn-H1</i>	<i>Vrn-H2</i>	<i>Vrn-H3</i>
25	17451	Дания	<i>Vrn-H1</i>	<i>vrn-H2</i>	<i>Vrn-H3</i>
26	18361	Казахстан	<i>Vrn-H1</i>	–	<i>vrn-H3</i>
27	18475	Таджикистан	<i>Vrn-H1</i>	<i>Vrn-H2</i>	<i>Vrn-H3</i>
28	18687	США	<i>Vrn-H1</i>	<i>Vrn-H2</i>	<i>vrn-H3</i>
29	19036	Норвегия	<i>Vrn-H1</i>	<i>vrn-H2</i>	<i>Vrn-H3</i>
30	19409	Германия	<i>Vrn-H1</i>	<i>vrn-H2</i>	<i>Vrn-H3</i>
31	19888	Германия	–	<i>Vrn-H2</i>	<i>vrn-H3</i>
32	19990	Эфиопия	<i>Vrn-H1</i>	<i>vrn-H2</i>	<i>vrn-H3</i>
33	30120	Омская область	<i>vrn-H1</i>	<i>Vrn-H2</i>	<i>vrn-H3</i>
34	30121	Иркутская обл.	<i>vrn-H1</i>	<i>Vrn-H2</i>	–

Чувствительными к яровизации являются образцы с комбинацией *vrn-H1Vrn-H2vrn-H3* (Takahashi and Yasuda, 1971). Сорты, несущие комбинации отличные от представленной, имеют разное время цветения. Рецессивные аллели по всем трем локусам характерны для двуручек (Saischo et al., 2011; Zlotina et al., 2013; Zveynek, 2009; Zveynek, Kovaleva, 2018; Alabushev et al., 2019). Дальнейшее изучение *Vrn* и их гомологов будет служить важным подспорьем для селекции и создания высокопродуктивных сортов ячменя.

Список литературы

1. Алабушев В.А., Донцова А.А., Филипов Е.Г. и др. Поиск ассоциаций аллельного полиморфизма генов *Ppd* и *Vrn* с изменчивостью основных хозяйственно-ценных признаков озимого ячменя // Зерновое хозяйство России. 2019. № 3 (62). С. 19–25. DOI: 10.31367/2079-8725-2019-63-3-19-25
2. Звейнек И.А. Генетический контроль типа развития у некоторых сортов ячменя // Труды по прикладной ботанике, генетике и селекции. 2009. Т. 165. С. 74–76.
3. Звейнек И.А., Ковалева О.Н. Скрининг образцов местных ячменей на чувствительность к фотопериоду // Труды по прикладной ботанике генетике и селекции. 2018. Т. 179, вып. 3. С. 179–188. DOI: 10.30901/2227-8834-2018-3-179-187
4. Campoli C., Drosse B., Searle I., Coupland G., von Korff M. Functional characterisation of *HvCO1*, the barley (*Hordeum vulgare*) flowering time ortholog of CONSTANS // The Plant Journal. 2012. Vol. 69, No. 5. P. 868–880. DOI: 10.1111/j.1365-313X.2011.04839.x
5. Karsai I., Szucs P., Meszaros K., Filichkina T. et al. The *Vrn-H2* locus is a major determinant of flowering time in a facultative winter growth habit barley (*Hordeum vulgare* L.) mapping population // Theoretical and Applied Genetics. 2005. Vol. 110, No. 8. P. 1458–1466. DOI: 10.1007/s00122-005-1979-7
6. Takahashi R., Yatsuda S. Genetics of earliness and growth habit in barley // Barley Genetics II: Proc. 2nd International Barley Genetics Symposium / R.A. Nilan (ed). Pullman, WA : Washington State University, 1971. P. 388–408.
7. Saischo D., Ishii M., Hori K., Sato K. Natural Variation of Barley Vernalization Requirements: Implication of Quantitative Variation of Winter Growth Habit as an Adaptive Trait in East Asia // Plant and Cell Physiology. 2011. Vol. 52, No. 5. P. 775–784. DOI: 10.1093/pcp/pcr046

8. von Zitzewitz J., Szucs P., Dubcovsky J., Yan L. et al. Molecular and structural characterization of barley vernalization genes // *Plant Molecular Biology*. 2005. Vol. 59, No. 3. P. 449–467. DOI: 10.1007/s11103-005-0351-2

9. Zlotina M.M., Kovaleva O.N., Loskutov I.G., Potokina E.K. The use of allele specific markers of the *Ppd* and *Vrn* genes for predicting growing season duration in barley cultivars // *Russian journal of genetics: Applied research*. 2013. Vol. 3, No. 4. P. 254–263. DOI:10.1134/S2079059713040114

ВЫЯВЛЕНИЕ СЕЛЕКЦИОННО ЗНАЧИМЫХ ЛОКУСОВ ПШЕНИЦЫ МЯГКОЙ ЯРОВОЙ ПОЛНОГЕНОМНЫМ АНАЛИЗОМ АССОЦИАЦИЙ

М. В. Соловьева, И. В. Розанова, Н. А. Швачко

Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова, Санкт-Петербург, Россия,
maria.soloveva.97@mail.ru

IDENTIFICATION OF BREEDING-ORIENTED LOCI OF SPRING BREAD WHEAT BY GENOME-WIDE ASSOCIATION STUDIES

M. V. Solovyeva, I. V. Rozanova, N. A. Shvachko

N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources, St. Peterburg, Russia,
maria.soloveva.97@mail.ru

Яровая пшеница является одной из основных продовольственных культур в России и во всем мире. Это главный продукт для 35% населения мира и обеспечивает примерно 20% потребностей населения в энергии (Масалов и др., 2021).

Полногеномный поиск ассоциаций (Genome Wide Association Studies, GWAS) – направление биологических исследований, связанных с изучением ассоциаций между геномными вариантами и фенотипическими признаками. Проведение GWAS позволяет обнаруживать новые генетические маркеры, связанные с урожайностью и качеством зерна, а также подтвердить ассоциацию ранее обнаруженных локусов. Результаты исследования могут быть использованы для разработки и внедрения генетических тест-систем с целью повышения доходов сельскохозяйственной деятельности (Непомнящих и др., 2018).

Нами был выполнен полногеномный анализ ассоциаций 186 образцов пшеницы мягкой (*Triticum aestivum*) из коллекции ВИР. Выборка была генотипирована ранее в компании Traitgenetics (Германия) с применением чипа Illumina высокой плотности и фенотипирована в полевых условиях НПБ «Пушкинские и Павловские лаборатории ВИР» в 2021 г., согласно методическим указаниям ВИР. Изучаемые образцы пшеницы являлись современными и староместными сортами российской и зарубежной селекции. Ассоциативный анализ проводили в программе Tassel 5.0 с использованием статистической модели MLM+K (смешанная линейная модель, учитывающая матрицу родства). Для определения уровня значимости SNP-маркеров использовали 5-процентную поправку по Бонферрони, где пороговое значение (0,05) поделено на количество тестов, то есть на количество анализируемых маркеров и составило $4 \cdot 10^{-6}$. Было выявлено 19 значимых маркеров на хромосоме 5A в интервале 584614233 – 588848205 пн, ассоциированных со сроками созревания пшеницы по следующим признакам: 1) количество дней от всходов до колошения, 2) от всходов до восковой спелости, 3) от даты колошения до восковой спелости (рисунок). В данном локусе обнаружены еще 20 маркеров, по отношению к одному или двум изучаемым срокам созревания. Маркеры, обладающие высоким уровнем

значимости, но не превышавшим пороговое значение мы обозначили, как маркеры уровня Suggestive (Предполагаемый).

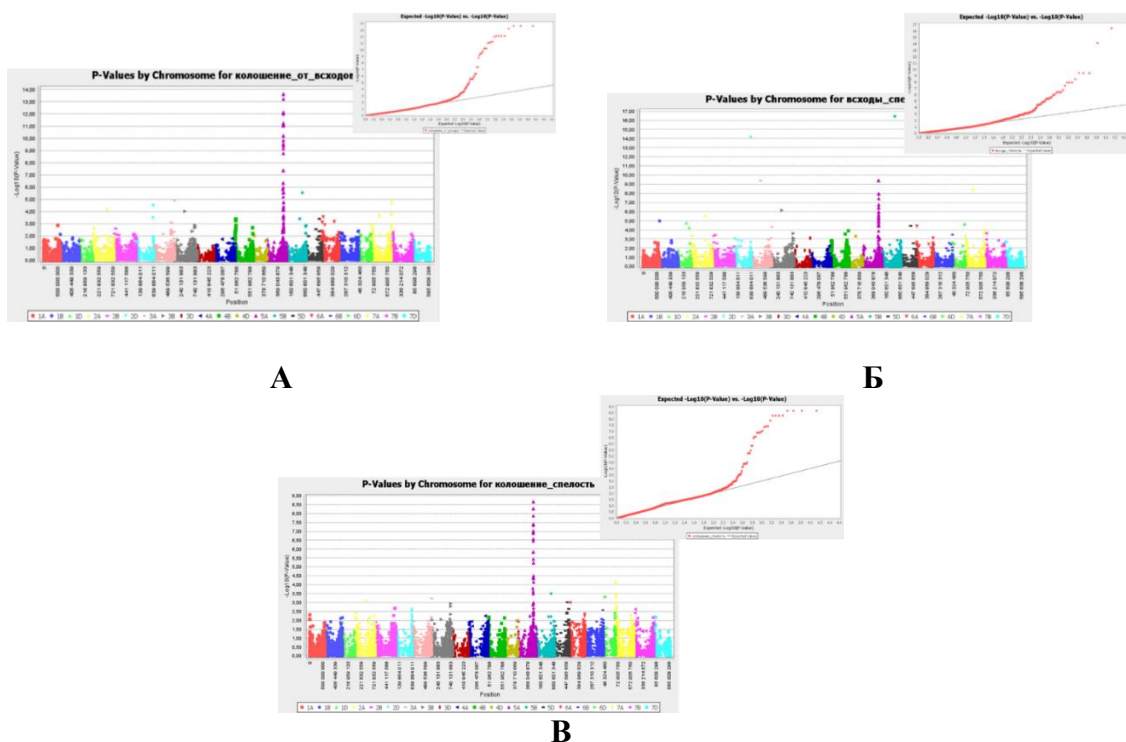


Рисунок. Manhattan plot и QQ plot, рассчитанные по количеству дней: А) от всходов до колошения; Б) от всходов до восковой спелости; В) от колошения до восковой спелости

При полногеномном анализе ассоциаций количества дней от всходов до восковой спелости было определено 6 значимых маркеров по одному на хромосомах 2А, 2D, 3А, 3В, 5В и 7А. Как и при исследовании данных 2020 года, в 2021 году нам удалось выявить два маркера, TG0053 и TG0020, локализующиеся в гене *Vrn-A1* (TraesCS5A02G391700) с координатами 587411454-587423416 пн на хромосоме 5А по физической карте (Plant.esembl.org).

Таким образом, по результатам полногеномного анализа ассоциаций образцов пшеницы мягкой были выявлены геномные районы, связанные с хозяйственно ценными признаками.

Список литературы

1. Масалов В.Н., Березина Н.А., Червонова И.В. Состояние зернового хозяйства России, роль зерновых в кормлении сельскохозяйственных животных и питания человека // Вестник аграрной науки. 2021. № 2 (89). С. 3–15. DOI: 10.17238/issn2587-666X.2021.2.3

2. Непомнящих М.В., Чечора О.В., Самсонов Н.В., Низамутдинов И.И. Перспективы применения полногеномного анализа ассоциаций для повышения эффективности использования кормов в птицеводстве // Современные научно-практические решения в области кормопроизводства : сборник трудов Всероссийской конференции ИБМХ, Москва, 20 ноября 2018 г. Москва, 2018. Т. 1., вып. 1. С. 54–56.

3. Bush W.S., Moore J.H. Chapter 11: Genome-wide association studies // Public Library of Science for Computational Biology. 2012. Vol. 8, No. 12. Article ID: e1002822. DOI: 10.1371/journal.pcbi.1002822

ИЗМЕНЕНИЕ БЕЛКОВО-ЛИПИДНОГО СОСТАВА СЕМЯН У МУТАНТНЫХ ФОРМ АМАРАНТА *AMARANTHUS CRUENTUS* L.

Р. М. Таипова¹, Б. Р. Кулуев²

¹Башкирский государственный университет, Уфа, Россия, taipova.ragida@yandex.ru

²Институт биохимии и генетики – обособленное структурное подразделение Уфимского федерального исследовательского центра Российской академии наук, Уфимский федеральный исследовательский центр Российской академии наук, Уфа, Республика Башкортостан, Россия

CHANGES IN THE PROTEIN-LIPID COMPOSITION OF SEEDS IN MUTANT FORMS OF *AMARANTHUS CRUENTUS* L.

R. M. Taipova¹, B. R. Kuluev²

¹Bashkir State University, Ufa, Russia, e-mail: taipova.ragida@yandex.ru

²Institute of Biochemistry and Genetics – Subdivision of the Ufa Federal Research Centre of the Russian Academy of Sciences, Ufa Federal Research Centre of the Russian Academy of Sciences, Ufa, Russia

Высокое содержание белка и ненасыщенных жирных кислот в семенах амаранта является одним из важных показателей пищевой ценности этой культуры, поэтому получение и выявление таких форм амаранта при селекции является актуальным.

Целью данного исследования было изучение изменения белкового и жирно-кислотного состава мутантных форм амаранта *Amaranthus cruentus* L. сорта ‘Багряный’ (Агросервер, Россия) второго мутантного поколения (M₂), полученные нами ранее в ходе экспериментов по индуцированному мутагенезу азидом натрия (Таипова, Кулуев, 2021).

В работе были использованы семена красного амаранта *A. cruentus* сорта ‘Багряный’, а также мутантов второго поколения инбридинга, полученных путем обработки азидом натрия. Содержание общего растворимого белка определяли методом Бредфорда, анализ липидов проводили методом тонкослойной хроматографии.

По результатам исследований у всех проанализированных мутантов был выявлен достоверно более высокий уровень содержания белка в семенах, чем в контроле (рисунок). К примеру, у мутанта №5 было зафиксировано наибольшее количество белка, в среднем, 13,78 мг/г, в то время как для контрольного варианта этот показатель составил в среднем 9,04 мг/г (см. рисунок).

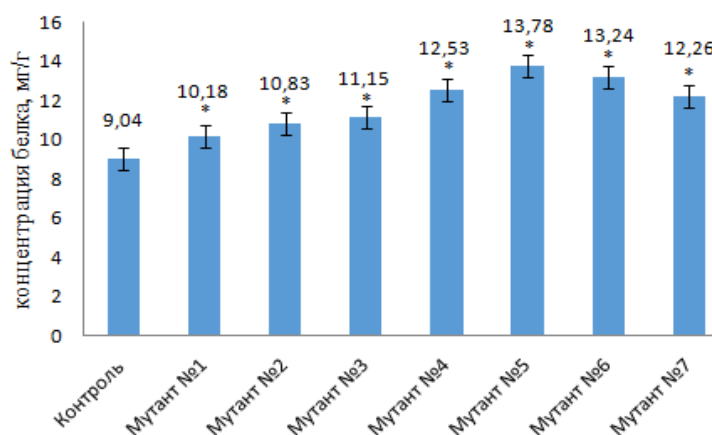


Рисунок. Концентрация общего растворимого белка у мутантов *Amaranthus cruentus* (ось X – мутанты амаранта; ось Y – концентрация белка, мг/г семян)

В составе жирных кислот семян амаранта нами было идентифицировано 15 компонентов, среди которых преобладали линолевая (18:2), олеиновая (18:1), пальмитиновая (16:0) и стеариновая (18:0) кислоты. Действие всех испытанных концентраций азиды натрия, в конечном счете, приводило к увеличению содержания линолевой кислоты у мутантов по сравнению с контролем. Максимальные значения содержания линолевой кислоты выявлены у четырех мутантов амаранта: №1, №4, №6 и №7, полученных обработкой 0,1 мМ, 2 мМ, 4 мМ и 5 мМ раствором азиды натрия соответственно, и составили 50% от суммы всех жирных кислот. При этом увеличивалось относительное содержание пальмитиновой кислоты от 17,8% в контроле до 19,9% в опытных вариантах. Кроме того, у мутантов наблюдали достоверное снижение содержания олеиновой и стеариновой кислот (таблица).

Таблица. Состав и содержание жирных кислот в семенах мутантных форм амаранта (*Amaranthus cruentus*) (% от суммы)

Состав жирных кислот	Контроль	Мутант № 1	Мутант № 4	Мутант № 5	Мутант № 6	Мутант № 7
Насыщенные:						
Миристиновая	0,3 ± 0,2	0	0,2±0,3	0,2±0,1	0,2±0,3	0
Пентадекановая	0,1 ± 0,3	0,1 ± 0,2	0,1 ± 0,2	0,1 ± 0,2	0,1 ± 0,2	0,1 ± 0,1
Пальмитиновая	17,8 ± 0,5	19,4 ± 0,5	19,7 ± 0,2	19,6 ± 0,7	19,6 ± 0,6	19,9 ± 0,8
Маргариновая	0,1 ± 0,2	0,1 ± 0,1	0,1 ± 0,1	0,1 ± 0,2	0,1 ± 0,2	0,1 ± 0,1
Стеариновая	5,1 ± 0,3	4,2 ± 0,3	3,9 ± 0,4	4,1 ± 0,1	4,1 ± 0,3	4,2 ± 0,2
Арахидовая	0,9 ± 0,1	0,9 ± 0,2	0,9 ± 0,3	0,8± 0,2	0,9 ± 0,3	0,9 ± 0,1
Бегеновая	0,4 ± 0,1	0,3 ± 0,1	0,3 ± 0,2	0,3 ± 0,3	0,3 ± 0,1	0,3 ± 0,1
Лигноцериновая	0,3 ± 0,2	0,2 ± 0,2	0,2 ± 0,1	0,2 ± 0,1	0,2 ± 0,3	0,2 ± 0,3
Мононенасыщенные:						
Пальмитолеиновая	0,1 ± 0,2	0,1 ± 0,2	0,1 ± 0,1	0,1 ± 0,2	0,1 ± 0,3	0,1 ± 0,3
Гептадеценная	0,9 ± 0,1	1,0 ± 0,3	1,2 ± 0,2	1,1 ± 0,3	1,2 ± 0,1	1,2 ± 0,2
Олеиновая	32,5 ± 2,2	22,3 ± 0,3	21,9 ± 0,3	24,4 ± 0,1	21,8 ± 0,2	21,6 ± 0,1
Эйкозеновая	0,2 ± 0,1	0,1 ± 0,2	0,1 ± 0,3	0	0,1 ± 0,1	0,1 ± 0,1
Полиненасыщенные:						
Линолевая	40,4 ± 1,5	50,0 ± 0,9	50,0 ± 1,3	47,9 ± 1,2	50,0 ± 1,6	50,0 ± 1,6
Линоленовая	0,6 ± 0,1	0,8 ± 0,1	0,8 ± 0,1	0,7 ± 0,2	0,8 ± 0,1	0,8 ± 0,1
Гексадекадиеновая	0,3 ± 0,1	0,4 ± 0,2	0,4 ± 0,1	0,3 ± 0,1	0,4 ± 0,1	0,4 ± 0,1

Мутантные формы амаранта поколения (M₂), полученные при помощи азиды натрия, характеризовались увеличением содержания белка и изменениями в составе липидов в семенах. Установлено максимальное увеличение содержания белка в семенах мутантного амаранта на 52%, а линолевой кислоты – на 25%, по сравнению с контролем.

Список литературы

1. Таипова Р.М., Кулуев Б.Р. Определение оптимальной концентрации мутагена азиды натрия для обработки семян *Amaranthus cruentus* L. // Вестник Воронежского государственного университета. Серия, Химия. Биология. Фармация. 2021. № 3. С. 34–41.

МИКРОКЛОНАЛЬНОЕ РАЗМНОЖЕНИЕ ТОМАТА ДИКОГО ВИДА (*SOLANUM PENNELLII* COR.)

Я. П. Тукусер

Федеральный научный центр овощеводства, Московская область, Россия,
yana-tukuser@mail.ru

MICROCLONAL PROPAGATION OF WILD TYPE TOMATO (*SOLANUM PENNELLII* COR.)

Y. P. Tukuser

Federal Scientific Vegetable Center, Moscow Region, Russia, Moscow Region, Russia,
yana-tukuser@mail.ru

Томат *Solanum pennellii* Cor. имеет мелкие зеленые плоды и высокорослые кусты детерминантного типа, которые вырастают до 1,6–1,8 м. В селекции дикорастущую форму используют для передачи полезных признаков, определяющих устойчивость к биотическим (болезням и вредителям) и абиотическим (засолению и засухе) стрессорам (Atarés et al., 2011; Cano et al., 1998; Cuartero et al., 2010). У *S. pennellii* существуют трудности с формированием плодов и завязываемостью семян. В ряде исследований сообщалось, что высокая температура является одним из факторов, способствующих снижению формирования плодов. Когда дневные или ночные температуры превышают +20...+26°C, формирование плодов прекращается, что приводит к снижению урожайности (Stevens, 1978). Кроме того, из-за высокой температуры часто наблюдается лонгостилия, что отрицательно влияет на завязывание семян томата (Davies et al., 1981). Одним из способов сохранения в коллекции этого генотипа дикого вида томата является введение его в культуру *in vitro*. Настоящее исследование было направлено на оптимизацию этапов микрорепродуктивного размножения *S. pennellii*.

Объектом исследования являлся селекционный образец томата *Solanum pennellii* Cor. из коллекции лаборатории селекции и семеноводства пасленовых культур ФГБНУ ФНЦО. Донорные растения выращивали в 2021 году в Московской области в условиях пленочной теплицы.

В качестве экспланта использовали: бутоны на разных стадиях развития и молодые листья. Проводили ступенчатую поверхностную стерилизацию с использованием 96% этанола (30 с), 50% водного раствора коммерческого препарата «Белизна» с добавлением Твина-20 (1 капля на 100 мл) (15 мин) с последующим трехкратным промыванием в течение 10 мин в стерильной дистиллированной воде. При последнем промывании в воду добавляли ампицилин в концентрации 100 мг/л. У бутонов удаляли чашелистики, лепестки и пыльники, а пестик с остатками цветоложа переносили на культуральную среду.

Для индукции калусообразования использовали питательную среду МС (Murashige, Skoog, 1962) дополненную различными регуляторами роста:

1. 1 мг/л 2,4-Д (2,4-дихлорфеноксиуксусная кислота);
2. 1 мг/л БАП (6-бензиламинопурин);
3. 1 мг/л 2,4-Д в сочетании с 0,2 мг/л кинетина;
4. 0,2 мг/л БАП в сочетании с 0,05 мг/л НУК (1-нафталинуксусная кислота).

Стеклянные банки с эксплантами помещали на стеллаж со смешанным освещением люминесцентными лампами двух типов: OSRAM Fluora L36W/77 (с преобладанием синего и красного спектра) и Philips 36W/54-765 (с преобладанием белого спектра), при общей освещенности 3000 люкс фотопериоде 16 часов – день и 8 часов – ночь при температуре 25°C круглосуточно.

Затем регенерированные побеги помещали на среду МС без регуляторов роста, где они укоренялись и развивались в растения-регенеранты.

В качестве эксплантов использовали листья томата, однако ткани листа оказались очень чувствительными к стерилизующим веществам и достаточно сильно повреждались, некротизировались и теряли регенерационный потенциал. Поэтому оптимальным для введения в культуру *in vitro* оказалось использование бутонов томата. Лучшие результаты были получены при использовании в качестве эксплантов полураскрытых бутонов среднего размера с уже заметной светло-желтой окраской лепестков. Ранее авторами было отмечено, что для индукции органогенеза у томата рекомендуется использование четырех основных цитокининов, а именно зеатина, ТДЗ (тиадиазурон, 3-(1,2,3-Тиадиазолин-5)-1-фенилмочевина), БАП и кинетин отдельно или в комбинации с ауксинами. Thomas и Mythili (Thomas, Mythili, 1995) сообщили, что до 38% пыльников продуцировали каллус на среде с добавлением 2,4-Д и кинетин. В нашем исследовании на 21 сутки культивирования наблюдали интенсивное образование морфогенного каллуса и появление точек роста на среде МС с регуляторами роста: кинетин (0,2 мг/л) в сочетании с 2,4-Д (1 мг/л). Выход составил 3-4 точки роста на эксплант. Остальные варианты концентраций регуляторов роста для индукции калусообразования оказались менее эффективными. Деление каллуса и пересадку на свежую индукционную питательную среду необходимо проводить каждые 2-3 недели, неограниченное количество раз. При переносе точек роста и молодых побегов на безгормональную питательную среду МС в течение 4–6 недель происходило интенсивное развитие побега и формирование корневой системы, и растение было готово к пересадке в грунт в условия *ex vitro*.

Представленные экспериментальные данные свидетельствуют, что калусообразование и побегообразование томата *S. pennellii* в культуре *in vitro* зависит от типа культивируемого экспланта, а также вида и концентрации регуляторов роста, входящих в состав питательной среды. Для индукции калусообразования у томата дикого вида *S. pennellii* рекомендуется использование среды МС с регуляторами роста: кинетин (0,2 мг/л) и 2,4-Д (1 мг/л).

Список литературы

1. Atarés A., Moyano E., Morales B., Schleiche P., García-Abellán J.O., Antón T., Pineda B. An insertional mutagenesis programme with an enhancer trap for the identification and tagging of genes involved in abiotic stress tolerance in the tomato wild-related species *Solanum pennellii* // Plant Cell Reports. 2011. Vol. 30, No. 10. P. 1865–1879.
2. Cano E.A., Pérez-Alfocea F., Moreno V., Caro M., Bolarín M.C. Evaluation of salt tolerance in cultivated and wild tomato species through *in vitro* shoot apex culture // Plant Cell, Tissue and Organ Culture. 1998. Vol. 53, No. 1. P. 19–26. DOI:10.1023/A:1006017001146
3. Cuartero J., Bolarin M.C., Moreno V., Pineda B. Molecular tools for enhancing salinity tolerance in plants // Molecular techniques in crop improvement / S. Jain, D. Brar (eds). Springer, Dordrecht, 2010. P. 373–405. DOI: 10.1007/978-90-481-2967-6_16
4. Davies J.N., Hobson G.E., McGlasson W.B. The constituents of tomato fruit – the influence of environment, nutrition and genotype // Critical Reviews in Food Science and Nutrition. 1981. Vol. 15, No. 3. P. 205–280. DOI: 10.1080/10408398109527317
5. Murashige T., Skoog F. A revised medium for rapid growth and bio assays with tobacco tissue cultures // Physiologia Plantarum. 1962. Vol. 159, No. 3. P. 473–497.
6. Shalata A., Mittova V., Volokita M., Guy M., Tal M. Response of the cultivated tomato and its wild salt-tolerant relative *Lycopersicon pennellii* to salt-dependent oxidative stress: The root antioxidative system // Physiologia Plantarum. 2001. Vol. 112, No. 4. P. 487–494. DOI: 10.1034/j.1399-3054.2001.1120405.x
7. Stevens M.A. Genetic potential for overcoming physiological limitations on adaptability, yield, and quality in the tomato // Hort-Science. 1978. Vol. 13. P. 673–678.
8. Thomas P., Mythili J.B. Development of cultured tomato anther to a fruit-like structure accompanied by *in vitro* ripening // Current science. 1995. Vol. 69, No. 2. P. 94–95.

СОЗДАНИЕ ЭФФЕКТИВНЫХ ГАПЛОИНДУКТОРОВ КУКУРУЗЫ ДЛЯ ГИБРИДНОЙ СЕЛЕКЦИИ

А. В. Ульянов¹, А. В. Карлов², Э. Б. Хатефов*¹

¹Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова, Санкт-Петербург, Россия, *haed1967@rambler.ru

²Российский научно-исследовательский противочумный институт «МИКРОБ», Федеральная служба по надзору в сфере защиты прав потребителей и благополучия человека, Саратов, Россия, dra29399@gmail.com

CREATION OF EFFECTIVE CORN HAPLOINDUCTORS FOR HYBRID BREEDING

A. V. Ulyanov¹, A. V. Karlov², E. B. Khatefov¹

¹N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources, St. Petersburg, Russia, haed1967@rambler.ru

²Russian Research Anti-Plague Institute "MICROB", Federal Service for Supervision of Consumer Rights Protection and Human Welfare, Saratov, Russia., dra29399@gmail.com

Гаплоиндукторы кукурузы (2n) представляют собой специализированные, высокофертильные линии, которые в результате гибридизации с диплоидным растением способствуют развитию с небольшой частотой (5–10%) гаплоидного (1n). Гаплоидные растения кукурузы служат источником дигаплоидных (2n) линий со 100% гомозиготностью по всем аллелям генов в геноме для гибридной селекции. Благодаря определенной частоте гаплоиндуцирующей способности (нарушения фертильности одного из спермиев) у гаплоиндуктора, часть этих гибридных зерновок имеет гаплоидное (1n) число хромосом в зародыше при формировании полноценного, триплоидного (3n), гибридного эндосперма. При этом триплоидный генотип клеток эндосперма развивается у зерновок одинаково как с гаплоидным, так и с диплоидным зародышем. Механизм гаплоиндукции происходит в гетерозиготных пыльцевых зернах и сводится к тому, что один из двух спермиев, участвующих в оплодотворении, нормальный (фертильный), а другой аномальный (элиминирующийся с аллелью гена *ZmPLA1*). В момент выхода из пыльцевой трубки нормальный спермий может оплодотворить либо яйцеклетку, либо полярное ядро, а аномальный остается. При оплодотворении нормальным спермием яйцеклетки развивается нормальная зерновка с диплоидным (2n) зародышем. В случае оплодотворения нормальным спермием полярного ядра развивается нормальная зерновка с гаплоидным (1n) зародышем. При этом аномальный спермий может стимулировать разрыв каллозной оболочки у яйцеклетки и сливаться с геномом реципиента, но в дальнейшем элиминируется после нескольких мейотических делений. Делящиеся клетки эндосперма из оплодотворенной полярной клетки стимулируют рост гаплоидной ткани зародыша. В итоге развивается триплоидный эндосперм и гаплоидный зародыш (Jacquier et al., 2020). Наиболее распространенным геном, используемым в современных гаплоиндукторах кукурузы являются гены локализованные в *qhir1*, *qhir11*, *qhir12* регионах хромосомы 1 (Hu et al., 2016), в сочетании с маркерным геном антоциановой окраски зерновки и зародыша *R1-nj*, а также антоциановой окраски растения *A1*, *Pl1* и *B1*. Источником доминантного цветового маркера у гаплоиндукторов служит генетический комплекс *R1 – Navajo (R1-nj)*, который экспрессируется в алейроне (самом внешнем слое эндосперма кукурузы), а также в зародыше (щитке), в отличие от иных генотипов, которые обычно не имеют какой-либо окраски антоцианом зародыша или эндосперма. Таким образом, *R1-nj* в качестве доминантного цветового маркера помогает в дифференцировке гаплоидных зерновок (окрашенные маркером зерновки и неокрашенным щитком и зародышем) от диплоидных зерновок (окрашенные антоциановым маркером зерновка и щиток с зародышем).

Исследования проведены в период с 2008 по 2020 гг. на селекционно-опытных участках Института сельского хозяйства Кабардино-Балкарского научного центра РАН, Инновационно-производственной агрофирмы Отбор, Института кукурузы Ляонинской сельскохозяйственной академии (LAAS, КНР). В исследования были вовлечены источники и доноры из генетической коллекции ВИР генов *ig* (C-622), высокой частоты гаплоиндукции “High haploidy inducer line” (C-453), *R-nj* (C-221, C-222, C-799), высокомасличности “High oil” (C-474), *B1* (Booster1 C-905, C-911, C-916, C-917) и *PI1* (C-905, C-924, C-925) и многие другие, контролирующие окраску пыльников, стебля, стержня, перикарпа и колеоптиля зерновки. Оценку частоты гаплоиндукции производили в тесткроссах на стерильные и фертильные подвиды кремнистой и зубовидной кукурузы. Подсчет частоты гаплоиндукции проводили на сухих зерновках гибридных початков, с последующей коррекцией после проращивания предполагаемых гаплоидных зерен и браковки гибридных диплоидных генотипов. Параллельно с подсчетом частоты гаплоиндукции проводили визуальную оценку качества маркеров зерновки и проростков гибридных зерновок.

В результате проведенных исследований получено более 300 генотипов линий-гаплоиндукторов кукурузы, из которых выделены 60 образцов характеризующиеся высокой (5–7%) частотой гаплоиндукции. Выделенные гаплоиндукторные линии характеризуются дифференцированной способностью к качеству маркирования зубовидной и кремнистой подвидов кукурузы, а также различных частей зерновки и проростка. Следует отметить, что на кремнистых подвидах тестеров фенотипическое проявление маркеров антоциановой окраски зерна и проростка ингибируются генами *C1-I*, *C2-Idf*, *In1-D*.

Список литературы

1. Hu H., Schrag T.A., Peis R., Unterseer S., Schipprack W., Chen Sh., Lai J., Yan J., Prasanna B.M., Nair S.K., Chaikam V., Rotarencu V., Shatskaya O.A., Zavalishina A., Scholten S., Schön Ch.-C., Melchinger A.E. The Genetic Basis of Haploid Induction in Maize Identified with a Novel Genome-Wide Association Method // *Genetics*. 2016. Vol. 202, No. 4. P. 1267–1276. DOI: 10.1534/genetics.115.184234

2. Jacquier N.M.A., Gilles L.M., Pyott D.E. et al. Puzzling out plant reproduction by haploid induction for innovations in plant breeding // *Nature Plants*. 2020. Vol. 6. P. 610–619. DOI: 10.1038/s41477-020-0664-9

ГЕНОФОНД РЕСУРСОВ МНОГОЛЕТНИХ ЗЛАКОВЫХ ТРАВ И ЕГО ИСПОЛЬЗОВАНИЕ В СЕЛЕКЦИИ НА СЕВЕРНОМ КАВКАЗЕ

В. В. Чумакова, В. Ф. Чумаков, М. В. Деревянникова, Т. М. Миронова
Северо-Кавказский федеральный научный аграрный центр, Михайловск, Россия,
sosna777@bk.ru

GENE POOL OF RESOURCES OF PERENNIAL GRASSES AND ITS USE IN BREEDING IN THE NORTH CAUCASUS

V. V. Chumakova, V. F. Chumakov, M. V. Derevyannikova, T. M. Mironova
North Caucasus Federal Scientific Agrarian Center, Mikhailovsk, Russia, sosna777@bk.ru

Одной из важнейших задач сельского хозяйства является производство высококачественных кормов. Это возможно за счет расширения видового разнообразия и создания новых высокопродуктивных сортов и гибридов кормовых культур, особенно

многолетних бобовых и злаковых трав. При этом травосеяние связано не только с обеспечением потребностей животноводства в кормах, но, что не менее важно, с решением задач экологического и природоохранного порядков.

Высоким биологическим разнообразием кормовых культур всегда выделялся Северный Кавказ. Широкое разнообразие дикорастущей флоры послужило источником пополнения возделывания в культуре таких видов трав, как многолетняя вика, клевер, донник, чина, ежа, кострец, житняк, пырей, овсяница и другие. В настоящее время под угрозой исчезновения в мире находится свыше 25 000 видов растений. Резкое снижение генетического разнообразия культивируемых видов растений, тенденция к росту однообразия пищи при глубокой переработке сырья, замена натуральных ингредиентов искусственными, широкое использование в агротехнологиях химических средств защиты, минеральных удобрений явно показывают свои негативные последствия как для человека и животных, так и для экосистем. Использование дикорастущих видов кормовых трав в селекционной практике в будущем будет ограничено в связи с проблемой сокращения генетического биоразнообразия, ускорением сукцессионных процессов, элементами которых будут полное исчезновение растений или переход их в категорию редких и исчезающих видов. В целом повышение антропогенной нагрузки ведет к усилению процессов гибридогенеза, мутагенеза, канцерогенеза, влияющих на весь мировой генетический фонд. В настоящее время многие из основных видов зерновых, технических и кормовых культур, особенно в развитых странах, имеют ограниченную генетическую базу, отмечается генетическая эрозия видов.

В результате исследований широкого набора многолетних злаковых трав в ФГБНУ «Северо-Кавказский ФНАЦ» (ранее Ставропольский НИИ сельского хозяйства), начатых селекционерами В. В. Кравцовым, Г. Г. Гоняном в начале 70-х годов прошлого столетия, продолженных В. В. Чумаковой с использованием различных методов и приемов интродукционно-селекционных работ был получен разнообразный исходный материал для селекции и введены в культуру новые виды. Коллекционный фонд ежегодно пополнялся образцами мировой коллекции ВИР, других НИУ и вузов страны, а также зарубежья.

По результатам наших исследований установлено, что в условиях Ставропольского края с успехом могут выращиваться в культуре более 60 видов кормовых трав, в том числе новых и малораспространенных, обладающих высокой продуктивностью и качеством кормовой массы, семян, устойчивостью к абиотическим и биотическим факторам среды, лечебными и функциональными свойствами. Объем изученного и использованного в селекции исходного и селекционного материала составляет более 35 тысяч единиц (таблица).

Таблица. Результаты интродукционно-селекционных работ с многолетними злаковыми травами в ФГБНУ «Северо-Кавказский ФНАЦ» за 1980–2020 гг.

Направление исследований	Годы	Результат
Интродуцировано новых видов и образцов, в т.ч. дикорастущих	1980–2020	5780 сортообразцов 80 видов
Создано, сохраняется и использовано в селекции	1990–2020	29970 генотипов 39 видов
Созданы и внесены в Госреестр селекционных достижений РФ и Казахстана новые сорта	1994–2020	26 сортов собственной селекции
Разработаны сортовые технологии выращивания кормов и семеноводства	1999–2020	25 современных технологий

Направления и методы селекционной работы с интродуцированным материалом определялись конкретными параметрами (моделью) создаваемого сорта и степенью селекционной проработки исходного материала.

Наши исследования показали, что для создания высокоурожайных сортов кормовых трав в качестве исходного материала эффективно привлекать местные и инорайонные селекционные сорта, дикорастущие популяции различного эколого-географического происхождения. Создание новых сортов многолетних трав с использованием различного исходного материала по ряду видов показало, что до настоящего времени больший интерес представляют местные дикорастущие популяции. Самой природой проведена колоссальная работа по формированию приспособленных к конкретным местам произрастания популяций, в том числе в условиях засухи, засоления и затопления почв, на склоновых землях и др. Дикорастущая флора Северного Кавказа еще долго может послужить источником новых видов и сортов кормовых злаковых трав. На основе местного и интродуцированного дикорастущего исходного материала создан ряд сортов многолетних злаковых трав ставропольской селекции.

Эффективным методом создания нового исходного материала и сортов кормовых злаковых трав оказалось «расчленение популяций» (периодическое и на первом этапе интродукционно-селекционных работ), сравнительное изучение ее состава, удаление худших и отбор лучших по заданным хозяйственно-биологическим признакам генотипов или формирование определенного направления биотипов растений. С использованием этого метода созданы новые сорта костреца безостого ‘СНИИСХ 83’, ‘Ставропольский 43’, тимофеевки луговой ‘Грация’, райграса высокого ‘Стрелец’, полевицы гигантской ‘Дюна’.

Самое широкое распространение и эффективное использование в работе с многолетними злаковыми травами получило создание сложногогибридных популяций. Схема работы этим методом включает подбор определенного числа родительских компонентов различного происхождения, их поликроссное скрещивание на изолированных участках, с дальнейшим определением общей комбинационной способности родительских форм и использованием в качестве нового исходного материала в селекции. Этим методом созданы новые с высоким продуктивным потенциалом сорта костреца безостого ‘Вегур’, ежи сборной ‘Генра’, райграса многоукосного ‘Талан’.

ИДЕНТИФИКАЦИЯ SNP-ЛОКУСОВ У СОРТОВ ЯРОВОЙ МЯГКОЙ ПШЕНИЦЫ МЕЖДУНАРОДНОЙ ПРОГРАММЫ КАСИБ

**С. С. Шепелев, И. В. Потоцкая, А. С. Чурсин, О. Г. Кузьмин, В. Е. Пожерукова,
А. Н. Айдаров, С. А. Ессе, М. Н. Кошкин, В. П. Шаманин**
Омский государственный аграрный университет имени П.А. Столыпина, Омск, Россия,
ss.shepelev@omgau.org

IDENTIFICATION OF SNP LOCI OF SPRING BRED WHEAT VARIETIES OF THE INTERNATIONAL PROGRAM KASIB

**S. S. Shepelev, I. V. Pototskaya, A. S. Chursin, O. G. Kuzmin, V. E. Pozherukova,
A. N. Aydarov, S. A. Esse, M. N. Koshkin, V. P. Shamanin**
P.A. Stolypin Omsk State Agrarian University, Omsk, Russia, ss.shepelev@omgau.org

Казахстанско-Сибирская сеть по улучшению яровой пшеницы (КАСИБ), основанная под эгидой CIMMYT в 2000 г., включает в себя 21 научное и селекционное учреждение Казахстана и России. Начиная с 2000 г., в рамках региональной сети сотрудничества КАСИБ проведено 11 совместных сортоиспытаний и изучено более 600 сортов и линий

мягкой пшеницы (Abugalieva et al., 2021; Shamanin et al., 2021). На основе всего материала программы КАСИБ, изученного с 2000 по 2020 г., сформирован так называемый «основной набор» КАСИБ для оценки генетического разнообразия лучших сортов, созданных за этот период, методом GWAS.

Цель исследований – идентификация SNP-локусов, ассоциированных с хозяйственно ценными признаками, у сортов яровой мягкой пшеницы международной программы КАСИБ.

Материалом исследования служили 150 сортов яровой мягкой пшеницы «основного набора» КАСИБ из разных учреждений-оригинаторов России и Казахстана. Данная коллекция была генотипирована с помощью платформы Affymetrix 135K (Германия, www.traitgenetics.de), что позволило идентифицировать 24146 SNP-локусов; маркеры с частотой аллелей меньше 5% в анализ не включали. Математическая обработка и поиск ассоциаций «маркер – признак» проведен с использованием программы R-statistics (https://www.r-project.org) методом анализа FARMСru с использованием оператора mvr.

Для практической селекции наибольший интерес представляют локусы, имеющие положительный эффект на экспрессию нескольких признаков одновременно в погодных условиях различных лет (табл. 1).

Таблица 1. SNP-локусы, ассоциированные с хозяйственно ценными признаками, 2020–2021 гг.

SNP-локус	Хромосома	Критерий Стьюдента (p)	Доля среди изученных сортов, %	Эффект, %	Признак
<i>2020 г.</i>					
AX-94428309	4A	3,55E-19	24,6	0,61	Число колосков в колосе
AX-94810990	7B	6,91E-11	37,7	0,34	Число колосков в колосе
RAC875_c13931_205	5A	7.22E-32	21,1	2,27	Период «всходы – колошение»
Excalibur_c6808_541	2A	4.87E-10	7,1	3,88	Период «всходы – колошение»
<i>2021 г.</i>					
AX-94428309	4A	6.47E-09	24,6	0,51	Число колосков в колосе
AX-94810990	7B	1.78E-11	37,7	0,53	Число колосков в колосе
AX-94810990	7B	9.83E-06	37,7	0,41	Длина колоса
RAC875_c13931_205	5A	2.56E-11	21,1	1,19	Период «всходы – колошение»
RAC875_c13931_205	5A	2.93E-06	21,1	0,31	Число колосков в колосе
RAC875_c13931_205	5A	5.29E-06	21,1	3,89	Высота растения
Excalibur_c6808_541	2A	2.99E-06	7,1	0,66	Общая кустистость

В 2020–2021 гг. выявлена наиболее значимая ассоциация SNP-локуса RAC875_c13931_205 в хромосоме 5A с продолжительностью периода «всходы – колошение»; локусов AX-94428309 (хромосома 4A) и AX-94810990 (хромосома 7B) – с числом колосков в колосе. В хромосоме 2A идентифицирован локус Excalibur_c6808_541, который оказывал в 2020 г. положительный эффект (3,88%) на продолжительность периода «всходы – колошение», а в 2021 г. локус RAC875_c13931_205 оказывал положительный эффект (3,89%) на высоту растения. SNP-локусы, имеющие значимые ассоциации с изученными хозяйственно ценными признаками, были переведены в KASP-маркеры (табл. 2).

Таблица 2. KASP-маркеры, показавшие значимые ассоциации в 2020–2021 гг.

SNP-локус	Хромо-сома	Последовательность	Код BS. BA
AX-94428309	4A	AAAAGGAAGAAAGCGCTATGACCGAACTTCT GTCC[C/T]GGTTCCCCACCCCGAGTCAATGCT GTTGCTGGAGT	BA00259528
AX-94810990	7B	CTAGGAAGGAAGGGCTAATGGCCGGTAGGG ATAGG[C/G]ACCCGCTGGTGGTTGGCAGGGTT GTGGGGGACGTG	BA00202263
RAC875_c 13931_205	5A	TAGCTTTCATAGCAGCGTCCCCATCTTGGGTC TCTACAAACCGCAATACA[T/C]GGAGCGAAG ACATATGGAATCCCGGTAGCTCTAACTTCAA GAGCAGTTGC	BS00158336
Excalibur_c 6808_541	2A	TTATCCCTCGTCTGGAAACCATTGTA CTGTTA ATCGCAGATGAGGCTCAG[T/C]ATGGTCGAG ACACAAAGCTTCTGCGGCCCTTCATCTATGG AATCTATCAT	BS00133013

В 2020 г. также идентифицирован 21 SNP-локус, ассоциированный с массой 1000 зерен, содержанием белка и клейковины в зерне; в 2021 г. – 37 SNPs, ассоциированных с массой 1000 зерен, содержанием белка и клейковины в зерне, числом падения, индексом глютена, выходом муки, содержанием сырой клейковины и показателем седиментации.

В целом за годы исследований 41 SNP-локус переведен в платформу KASP-маркеров и уже используется в маркер-ориентированной селекции Омского ГАУ для создания генетически детерминированных сортов яровой мягкой пшеницы. Создана коллекция для маркер-ориентированной селекции с использованием геномных технологий.

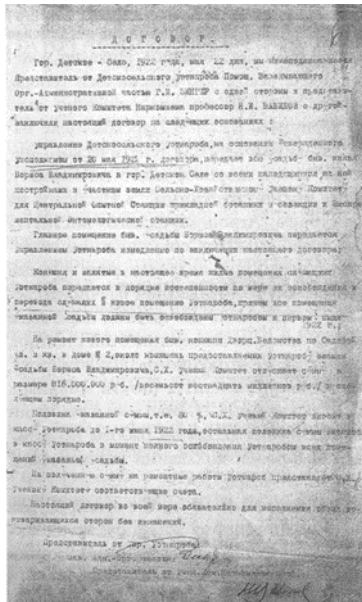
Работа выполнена в рамках гранта Министерства науки и высшего образования РФ (соглашение № 075-15-2021-534 от 28.05.2021 г.) и гранта Российского научного фонда (соглашение № 22-16-20008 от 23.03.2022 г.), а также при финансовой поддержке Министерства сельского хозяйства РФ.

Список литературы

1. Abugalieva A., Flis P., Shamanin V., Savin T., Morgounov A. Iomic analysis of spring wheat grain produced in Kazakhstan and Russia // Communications in Soil Science and Plant Analysis. 2021. Vol. 52, Iss. 7. P. 704–711. DOI: 10.1080/00103624.2020.1865398
2. Shamanin V.P., Flis P., Savin T.V., Shepelev S.S., Kuzmin O.G., Chursin A.S., Pototskaya I.V., Likhenko I.E., Kushnirenko I.Yu., Kazak A.A., Chudinov V.A., Shelaeva T.V., Morgounov A.I. Genotypic and ecological variability of zinc content in the grain of spring bread wheat varieties of international nursery KASIB // Vavilov Journal of Genetics and Breeding. 2021. Vol. 25, No. 5. P. 543–551. DOI: 10.18699/VJ21.061

ОТДЕЛЫ ВИР: ИСТОРИЯ И СОВРЕМЕННОСТЬ

VIR's DEPARTMENTS: HISTORY AND MODERNITY



Договор о передаче усадьбы
для Центральной опытной станции
22 мая 1922 г.



Николай Иванович Вавилов (1887–1943)
(РАН. Р.Х. Оп.2. Д.262)



**Опытная станция ВИР в Детском Селе, 1933
(СССР на стройке. 1933. № 5)**



**Сотрудники ВИР, Пушкин, НПБ «Пушкинские и Павловские лаборатории ВИР», 2022.
Фото А. А. Леншина**

ОТДЕЛ ГЕНЕТИЧЕСКИХ РЕСУРСОВ ОВОЩНЫХ И БАХЧЕВЫХ КУЛЬТУР: ИСТОРИЯ И СОВРЕМЕННОСТЬ

А. М. Артемьева

Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова, Санкт-Петербург, Россия, a.artemyeva@vir.nw.ru

DEPARTMENT OF VEGETABLE AND CUCURBIT CROPS: TRADITIONS AND PERSPECTIVES

M. A. Artemyeva

N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources, St. Petersburg, Russia,
a.artemyeva@vir.nw.ru

После прихода Н. И. Вавилова к руководству, Бюро по прикладной ботанике Сельскохозяйственного ученого комитета Министерства земледелия и государственных имуществ было реорганизовано в Государственный институт опытной агрономии, и при отделе прикладной ботаники этого института возник подотдел огородничества. В 1925 г. в организованном Всесоюзном институте прикладной ботаники и новых культур был создан отдел плодоводства, огородничества и специальных культур с подотделом огородничества и секцией бахчеводства (руководитель – В. В. Пашкевич). Сотрудники подотдела огородничества ВИПБиНК и подотдела огородничества ГИОА работали по единому плану. В 1930 г. ВИПБиНК и отдел прикладной ботаники ГИОА были преобразованы во Всесоюзный институт растениеводства. В 1931 г. в ВИР были организованы отдел растительных ресурсов и секции овощных и бахчевых культур, затем в 1934 г. отдел растительных ресурсов был упразднен и создан отдел овощных, бахчевых культур, клубнеплодов и съедобных грибов (руководитель – С. М. Букасов). В 1945 г. был создан самостоятельный отдел овощных и бахчевых культур, в 1949 г. внутри отдела организована лаборатория закрытого грунта.

Работы с овощными культурами в ГИОА и ВИПБиНК по приглашению Н. И. Вавилова возглавил известный садовод Н. И. Кичунов, в 1928 г. заведующим подотделом огородничества стал В. Л. Васильев. С 1937 г. отдел возглавил Д. Д. Брежнев, а во время его отсутствия в 1939–1940 и в 1942–1946 гг. во главе отдела находилась Т. В. Лизгунова. В 1982–1987 гг. отделом руководил Г. В. Боос, в 1987–2012 гг. – В. И. Буренин.

Первые зарубежные сорта овощных культур поступили в коллекцию ВИПБиНК в результате поездки Н. И. Вавилова в страны Западной Европы, США и Канаду (1921–1922 гг.), а также сборов Е. Н. Синской 1922–1923 гг. Это образцы томата, капусты, репы, тыквы, дыни, арбуза. Первые отечественные селекционные и местные сорта были привлечены через Всесоюзную сельскохозяйственную выставку, затем из экспедиций (в Афганистан, Иран, Армению, Турцию). В 1924–1925 гг. приступили к изучению собранной коллекции. В дальнейшем коллекция интенсивно пополнялась с помощью сельскохозяйственных учреждений страны и экспедиций, прежде всего в страны древней земледельческой культуры: Н. И. Вавилова в 1926–1929 гг. в Средиземноморье, Эфиопию, Зап. Китай, Корею, Японию, Тайвань, где было собрано 1134 образцов овощных и бахчевых культур; П. М. Жуковского в Малую Азию, Сирию в 1925–1927 гг. (2015 обр.); В. В. Марковича в Индию, Японию, Китай в 1926–198 гг. (595 обр.); Е. Н. Синской в Японию в 1928–1929 гг. (собрано 458 обр.). К концу 1928 г. коллекция овощных культур включала 15 400 образцов, а к началу Великой Отечественной войны – около 21 500 образцов. В период войны коллекция хранилась в Ленинграде в отделе овощных культур. Многие ценные образцы были эвакуированы в Свердловскую область, и коллекция даже продолжала пополняться. С 1950-х годов с возобновлением экспедиционной деятельности

ВИР коллекция овощных культур пополнялась особенно интенсивно. Была обследована вся территория бывшего СССР, организованы экспедиционные сборы в Китай, Индию, Японию. Путем систематического обмена с международными генными банками и селекционными компаниями стран Старого и Нового света мобилизованы дикорастущие и селекционные образцы овощных культур с ценными для условий РФ признаками. Таким образом, биоразнообразие культурных видов и их диких родичей, прежде всего из центров происхождения и разнообразия, полно представлены в мировой коллекции РФ.

В отделе овощных культур работали крупные ученые А. И. Филлов, В. Л. Газенбуш, Б. И. Сечкарев, Т. В. Лизгунова, М. А. Шебалина, В. Т. Красочкин, Э. Т. Мещеров, А. А. Казакова, Л. В. Сазонова и др. Отдел подготовил восемь томов «Культурной флоры СССР»: Пасленовые культуры, Корнеплодные растения (в двух томах), Луки, Капуста, Листовые овощные, Тыквенные (в двух томах).

Пушкинские лаборатории – основной пункт экспериментальной работы с коллекциями овощных и бахчевых культур ВИР в открытом и защищенном грунте. Поля овощных культур размещались первоначально в хозяйстве «Красный пахарь» (ныне НПБ «Пушкинские и Павловские лаборатории ВИР»), в 1940 г. полевые исследования были перенесены в Пушкинские лаборатории. Работа по изучению биологии развития, биохимических признаков, гибридизации, а также поддержания всхожести семян была возобновлена в 1944–1945 гг. с капустой, свеклой, зонтичными корнеплодами, редисом, луком, чесноком, листовыми зелеными, томатом, перцем, баклажаном, огурцом, тыквой и малораспространенными однолетними и многолетними культурами.

За 100 лет работы с овощными культурами в ВИР были проведены 432 экспедиции, которые собирали овощные культуры на пяти континентах. За последние 10 лет были проведены экспедиции по территории России, в том числе Крыма, Кабардино-Балкарии, Адыгеи, Карачаево-Черкессии, а также стран ближнего зарубежья: Абхазии, Армении, Грузии, Казахстана, Кыргызстана, Таджикистана, Украины.

К овощным растениям отнесено 1200 видов; относительно широко на земном шаре распространены 690 видов 9 семейств. На огромной территории России повсеместно возделывают лишь 23 вида. С учетом сужения генетической базы современных сортов интенсивного типа возрастает роль сохранения и расширения вариативности признаков культурных растений в генных банках. Согласно Н. И. Вавилову, мировая коллекция должна отражать естественное разнообразие культурных растений и их дикорастущих родичей, а также включать достижения современной селекции.

В настоящее время коллекция овощных и бахчевых культур ВИР насчитывает 52 889 образцов, в том числе 39 469 образцов в основном каталоге, 13 420 образцов во временном каталоге, включает представителей 29 семейств, 145 родов, 610 видов. Коллекция включает представителей преимущественно восьми семейств: тыквенные, пасленовые, капустные, сельдерейные, амарантовые, луковые, астровые, яснотковые (49 094 обр.). Статус образцов коллекции: 3–5% – дикие виды и примитивные (переходные к культурным) формы, 30–35% в зависимости от культуры составляют староместные сорта, 45–50% – современные сорта, 10–12% гибриды, гибридные популяции, самоопыленные линии, линии удвоенных гаплоидов, мутантные формы, образцы с маркерными признаками. Коллекции отдельных овощных и бахчевых культур ВИР занимают первые места по численности среди коллекций мировых генных банков, это коллекции капусты, арбуза, лука, моркови, тыквы, огурца и дыни, второе место – коллекция томата. Уникальность коллекций 30–80%.

Основные направления расширения биоразнообразия коллекции:

- сбор диких видов и местных форм с высокой степенью устойчивости к биотическим и абиотическим стрессам, ценным биохимическим составом; привлечение в коллекцию недостающих в ней звеньев эволюционных рядов овощных культур от предковой формы до современных сортов и линий;

- интродукция новых для России культур и типов сортов; привлечение лучших мировых достижений современной селекции, прежде всего по новейшим направлениям

селекции; привлечение / создание генетического материала – мутантных линий, инбредных линий, самонесовместимых линий, линий с ЦМС, линий удвоенных гаплоидов.

Размножение коллекций овощных и бахчевых культур ВИР проходит на 10 филиалах и в НПБ «Пушкинские и Павловские лаборатории ВИР».

Основной принцип изучения коллекции – разносторонняя оценка генофонда с целью выделения высокоэффективных генотипов по важнейшим направлениям селекции. Основные направления селекции ОБК в РФ и основные направления эколого-географического изучения изменчивости признаков образцов коллекции: продуктивность; различная длительность вегетационного периода; адаптивность; устойчивость к биотическим и абиотическим стрессорам; накопление питательных (и антипитательных) веществ, создание функциональных продуктов питания, сортов для консервной промышленности. Новые направления селекции и изучения: карликовость, порционность, различная, в том числе оригинальная, форма и окраска продуктивных органов, декоративность, пригодность для современных технологий возделывания (малообъемная для длительного плодоношения, при сниженной освещенности, уменьшении площади питания, интенсивная светокультура). Направления изучения конкретных культур: тыквы – многоплодность, голосемянность, мякоть типа спагетти, кустовой габитус, короткоплетистость, огурца – одностебельность, генетическое отсутствие горечи в плодах, перца – толщина перикарпия, и др.

Проводится структурирование коллекций: создание стержневых, признакововых, генетических коллекций. Генетические исследования с использованием ДНК-маркеров включают изучение генетического разнообразия, в том числе для целей мобилизации, филогенетические исследования, QTL и ассоциативное картирование, скрининг образцов коллекции отобранными целевыми маркерами, сцепленными с ценными признаками, для маркерной помощи отбору (MAS), начато секвенирование геномов овощных культур.

За последние 5 лет выделено 1255 источников ценных хозяйственных признаков.

Отдел ГР ОБК ведет большую селекционную работу: за 25 лет в отделе создано 70 сортов 25 культур с высокими биохимическими показателями: томат 'Цыпа F1', морковь 'Фея', 'Принцесса', 'Деликатесная', 'Аркадия', 'Скоровская', редис 'Фламинго розовый', 'Викуся', свекла 'Валента', 'Бордо односемянная', 'Вировская односемянная', тыква 'Волшебная карета', 'Димка', 'Марсианка', кабачок 'Изумрудный', 'Фазенда', кружнек 'Золотая шейка', патиссон 'Золотой медальон', капуста цветная 'Царевна', 'Ариэль', капуста декоративная 'Афродита', 'Карменсита', капуста пекинская 'Ворожея', капуста китайская 'Аленушка', 'Лебедушка', 'Пава', 'Юна', 'Мэгги', 'ВитаВИР', капуста розеточная 'Королла', капуста японская 'Русалочка', репа 'Палитра', турнепс 'Удачный', 'Афико', брюква 'Бригантина', 'Вирика', салат 'Балет', укроп 'Анна', эндивий 'Кружево', салат цикорный 'Эльвира', душица 'Северное сияние', змееголовник 'Торгона', фенхель 'Корвет', горчица 'Прелестная', амарант 'Франт' и другие. Число возделываемых в России видов овощных растений растет, что повышает качество жизни населения.



**М. А. Артемьева, канд. с.-х. наук, руководитель
Отдела генетических ресурсов овощных и бахчевых
культур ВИР. Пушкин, 2020.**

ГЕРБАРИЗАЦИЯ КОЛЛЕКЦИЙ ВИР

Л. В. Багмет, И. Г. Чухина

Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова, Санкт-Петербург, Россия, l.bagmet@vir.nw.ru

HERBARIZATION OF VIR COLLECTIONS

L. V. Bagmet, I. G. Chukhina

N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources, St. Petersburg, Russia, l.bagmet@vir.nw.ru

Гербарий культурных мира, их диких родичей и сорных растений (Гербарий ВИР, WIR) – специальная национальная научная гербарная коллекция. Она состоит, главным образом, из образцов культурных растений и их диких родичей, собранных со всего мира. Коллекция начала свое существование с момента создания в 1894 году Бюро Прикладной Ботаники при Министерстве земледелия и государственных имуществ. У истоков создания гербария стоял один из первых директоров Бюро Р. Э. Регель – ботаник, специалист по культурным растениям, основоположник отечественной прикладной ботаники, чья коллекция культурных ячменей была одной из первых научных коллекций, с которых начинался гербарий.

Изначально каждый отдел имел собственный гербарный фонд, в котором хранился материал, соответствующий собираемой и сохраняемой семенной коллекции различных культур и являющийся важнейшим справочным и документальным дополнением живой коллекции. Однако гербарная коллекция требовала специальных условий хранения, приемов и навыков работы с ней, и, следовательно, для работы с ней нужны были специалисты. Именно поэтому в 1926 г. приказом Н. И. Вавилова гербарий был выделен в составе Института как отдельная структурная единица – Гербарий культурных растений, под руководством П. М. Жуковского.

Н. И. Вавилов предлагал отделам обращать «самое серьезное внимание на создание гербарной коллекции по всем изучаемым в институте культурам». Гербарий создавался для «монографических работ с культурными растениями» и должен был стать «достоянием не только отдельных секций института» (оп.11, д.35, п.л.143, ЦГАНТД СПб). В дальнейшем гербарная коллекция ВИР постоянно пополняется образцами культурных растений и их диких родичей, собранных во многих странах и на различных континентах многочисленными экспедициями Н. И. Вавилова и других сотрудников института, а также в результате гербаризации образцов, репродуцируемых на экспериментальных участках и опытных станциях института. Наиболее активное пополнение гербария сборами в коллекциях опытных станциях ВИР происходило в 20–30-е и 60–70-е годы XX века.

В настоящее время Гербарий ВИР (WIR) насчитывает более 140 300 образцов, представленных более чем 377 700 гербарными листами, и состоит из пяти фондов:

- *основной гербарий* (гербарные образцы культивируемых растений и их дикорастущих родичей; образцы сортов возделываемых растений из разных стран мира, как современные, так и возделываемые в прошлом, а также образцы дикорастущих родичей культурных растений, представленные во всем объеме внутривидовой изменчивости);

- *общий фонд* (мировое разнообразие таксонов, не входящих в основную тематику ВИР, но представляющие интерес с точки зрения их потенциального использования);

- *гербарий сорных растений* (видовой состав сорных растений сельскохозяйственных культур России и сопредельных стран);

- *типовой гербарий* (коллекция номенклатурных типов видов и таксонов внутривидового ранга и коллекция номенклатурных стандартов сортов российской селекции);

- *обменный гербарий* (дублетный фонд, специально созданный для обмена гербарными образцами с другими ботаническими учреждениями).

В последние годы сотрудники гербария активно занимаются гербаризацией образцов из коллекции ВИР – однолетних культур, выращиваемых из семян, и многолетних культур, поддерживаемых в полевых условиях на научно-производственной базе «Пушкинские и Павловские лаборатории ВИР» и филиалах ВИР (Дагестанской, Майкопской и Крымской опытных станциях). Гербарий ВИР пополнился образцами диких видов яблони и сортов яблони прибалтийской селекции, номенклатурными типами разновидностей и форм *Triticum durum*, номенклатурными стандартами сортов яблони и черной смородины селекции Павловской опытной станции, сортов яблони селекции Крымской опытной станции. Традиционно гербарные фонды пополнялись сборами культурных растений и их диких родичей во время экспедиционных обследований. Всего за последние пять лет (2017–2021 гг.) гербарий ВИР пополнился 1197 образцами, которые представлены 1667 гербарными листами.

ВСЕ НАЧИНАЛОСЬ В ПУШКИНСКИХ ЛАБОРАТОРИЯХ ВИР

В. И. Буренин

Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова, Санкт-Петербург, Россия

IT ALL STARTED IN PUSHKIN LABORATORIES OF VIR

V. I. Burenin

N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources, St. Petersburg, Russia

Впервые я появился в Пушкинских лабораториях ВИР в августе 1963 года, когда приехал в Ленинград подавать документы в аспирантуру Всесоюзного института растениеводства (ВИР). Заведующий аспирантурой И. И. Маркушев, узнав, что я на Ярославской сельскохозяйственной опытной станции изучал агротехнику возделывания свеклы, отправил меня для знакомства в Пушкин, к доктору сельскохозяйственных наук В. Т. Красочкину – куратору коллекции свеклы в ВИР. После беседы В. Т. Красочкин пожелал мне успехов на экзаменах. В январе 1964 года я успешно сдал экзамены и с 1 февраля был зачислен в аспирантуру. Сразу по приезде в лаборатории приступил к подготовке к посевной. В. Т. Красочкин передал мне семена 55 межвидовых гибридов от скрещивания разных сортов сахарной свеклы с сортом кормовой свеклы ‘Сахарная округлая 0143’. Тему исследований он определил следующую: «Использование гетерозиса у сахарно-кормовых гибридов свеклы». Важно было то, что в мои обязанности входили и другие работы, связанные с коллекциями, как в Пушкине, так и в Центре.

В середине мая 1964 г. принял участие в первой посевной в Пушкинских лабораториях, начиная с разбивки опытного поля и кончая деляночными посевами, а затем наблюдениями, учетом и уборкой. Причем, наряду с коллекцией, большой объем работы был связан с селекцией. В. Т. Красочкин был автором четырех сортов (2 – столовой и 2 – кормовой) свеклы. Приходилось вести наблюдения, многочисленные отборы и закладку материалов на хранение в овощехранилище.

В апреле 1967 г. успешно прошла защита кандидатской диссертации, а в июне я уже стал кандидатом биологических наук. В 1967–1969 гг. я научный сотрудник Павловской опытной станции, в 1970–1976 – научный сотрудник Пушкинских лабораторий, в 1977–1988 гг. – старший научный сотрудник отдела овощных и бахчевых культур ВИР (Центр).

В 1982 году ушел из жизни В. Т. Красочкин, и вся работа с коллекциями свеклы легла на мои плечи. При этом приходилось продолжать и селекционную работу с выведенными ранее сортами столовой и кормовой свеклы.

Так получилось, что старший мой брат Павел Иванович Буренин, врач, одновременно занимался научными исследованиями и при встречах подталкивал меня к написанию докторской диссертации. А тут подвернулась годичная научная стажировка в ГДР в 1972 году. Целый ряд вопросов, связанных с генетикой, селекцией и семеноводством свеклы, мне удалось там дополнительно изучить. Вернувшись в ВИР, написал брошюру «Селекция и семеноводство свеклы в ГДР» (1973). После этого начал расширять изучение генофонда свеклы в системе ВИР: на Дальнем Востоке – на устойчивость к болезням, на Полярной станции – на устойчивость к цветущности. Удалось усилить исследования в Центре и в Пушкинских лабораториях, в частности, провели совместные работы: по цитологии (совместно с Л. И. Абрамовой), по иммунитету (с Э. А. Власовой), по генетике (с Э. В. Тавриным), по физиологии (с Г. В. Удовенко), по фотосинтезу (с В. И. Кошкиным). В результате был накоплен большой экспериментальный материал, включая вопросы систематики, изученные с помощью О. Н. Коровиной.

Постоянно проводились биохимические исследования генофонда, причем на двух опытных станциях одновременно: Московском отделении ВИР и Майкопской опытной станции ВИР. В результате удалось оценить генофонд свеклы в резко различающихся условиях, что позволило выявить реакции сортообразцов применительно к разным регионам страны.

Важной работой с генофондом является поддержание образцов коллекций в живом виде. В этом отношении большой задел был сделан Дмитрием Даниловичем Брежневым. По его инициативе, сначала в Пушкине, а затем и на других станциях была налажена система изодомиков для выращивания семян перекрестноопыляющихся культур. Д. Д. Брежнев ряд лет работал в Москве в должности вице-президента ВАСХНИЛ. Одновременно он был, начиная с послевоенных лет, директором ВИР и бессменным заведующим отделом овощных и бахчевых культур. В то время в Пушкинских лабораториях работали такие крупные ученые как: В. Г. Конарев (зав. отделом молекулярной биологии), Т. Я. Зарубайло (зав. отделом генетики), Г. В. Удовенко (зав. отделом физиологии устойчивости), О. Д. Быков (зав. отделом фотосинтеза), В. И. Комаров (зав. отделом технологической оценки), В. И. Кривченко (зав. отделом иммунитета), Л. И. Орел (зав. отделом цитологии и анатомии) и другие, что выдвигало коллектив в число передовых на уровне мировой биологической науки. В определенной мере этот уровень поддерживается и в настоящее время.

На опытном поле мне приходилось часто встречаться и беседовать с Татьяной Васильевной Лизгуновой. Как и В. Т. Красочкин, она начала работать в ВИР еще при Н. И. Вавилове и стала крупным специалистом и монографом по культуре капусты. Рядом с ней работала канд. с.-х. наук Т. И. Джогадзе. Сейчас успешно продолжает эти исследования канд. с.-х. наук Анна Майевна Артемьева (заведующая отделом), которой созданы и районированы несколько сортов листовой капусты.

С коллекцией моркови работал канд. с.-х. наук Б. И. Сечкарев (зам. зав. отделом), затем доктор с.-х. наук Л. В. Сазонова, включая редис и редьку; ряд лет она работала зав. отделом и зам. директора института. До этого была директором Полярной опытной станции ВИР. Соавтор тома Культурной флоры СССР по корнеплодным растениям. В настоящее время эти исследования продолжает канд. биол. наук Татьяна Владимировна Хмелинская.

Значительный объем работ проводился в Пушкинских лабораториях ВИР на коллекции кабачка и тыквы З. Д. Артюгиной, а затем Л. М. Юлдашевой. Сейчас успешно

продолжает эти исследования канд. с.-х. наук Татьяна Миновна Пискунова, которая долгое время является заместителем заведующего отделом.

В защищенном грунте работал Г. В. Боос, затем он переключился на коллекцию капусты. Успешно трудился в теплицах доктор с.-х. наук В. И. Пыженков, автор ряда гетерозисных гибридов огурца. В последние годы в защищенном грунте трудится канд. с.-х. наук И. В. Гашкова.

Долгие годы в институте и в Пушкине трудилась канд. биол. наук М. М. Гиренко, которая вела сложную коллекцию малораспространенных овощных культур, включая лекарственные растения. После нее эту работу продолжила канд. с.-х. наук Ольга Анатольевна Зверева, соавтор ряда публикаций по редким овощным растениям.

В 1883 г. состоялась моя защита докторской диссертации на тему «Свекла – *Beta L.* (систематика, генетика и исходный материал для селекции), которая прошла успешно. С 1988 по 2007 гг. работал заведующим отделом овощных и бахчевых культур ВИР. При этом основной базой для проведения исследований оставались Пушкинские лаборатории, что связано с близостью с Центром и большими возможностями для реализации научных идей (замыслов). В результате комплексных исследований созданы оригинальные формы свеклы, которые легли в основу генетической коллекции.

За время работы в ВИР принял участие в 18 экспедициях по сбору растительных ресурсов, в т. ч. 5 – за рубежом. Селекционерам передано свыше 1,5 тыс. образцов, характеризующихся важными хозяйственно-ценными признаками и свойствами. Опубликовано 350 работ, в т. ч. две монографии (Буренин, Пивоваров, 1998; Буренин, 2007). Являюсь автором и соавтором 9 сортов свеклы, включенных в Госреестр РФ. В 2000 г. присвоено звание «Заслуженный деятель науки». В 1986 г. награжден орденом «Знак Почёта» и Юбилейной медалью «За доблестный труд». Все это достигнуто трудами всего коллектива отдела и Пушкинских лабораторий, за что от всего сердца благодарен.



Сотрудники ВИР:
слева направо: Е. И. Гаевская, В. И. Буренин,
Н. П. Лоскутова, Пушкин, 2008.
Фото Д. В. Соколовой



**Сотрудники отдела генетических ресурсов
овощных и бахчевых культур ВИР:**
В. И. Буренин, Д. В. Соколова
Пушкин, 2006

Список литературы

1. Буренин В. И. Генетические ресурсы рода *Beta L.* (Свекла). Санкт-Петербург: ВИР, 2007. 274 с.
2. Буренин В. И., Пивоваров В. Ф. Свекла. Санкт-Петербург: ВИР, 1998. 210 с.

ОТДЕЛ ГЕНЕТИЧЕСКИХ РЕСУРСОВ ЗЕРНОБОБОВЫХ КУЛЬТУР

М. А. Вишнякова

Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова, Санкт-Петербург, Россия, m.vishnyaskova.vir@gmail.com

DEPARTMENT OF GRAIN LEGUME GENETIC RESOURCES

M. A. Vishnyakova

N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources, St. Petersburg, Russia,
m.vishnyaskova.vir@gmail.com

В письме к А. И. Мальцеву 9 мая 1922 г. Н. И. Вавилов писал: «Открывая в отделе [Отдел прикладной ботаники и новых культур (ОПБиНК)] Отдел бобовых растений». С этого времени современный отдел генетических ресурсов зернобобовых культур (ГР ЗБК) и ведет свое летоисчисление.

Согласно отчету Р. Э. Регеля (1915), в Бюро Прикладной ботаники коллекция бобовых насчитывала всего 221 образец. *Бобовых на семена*, как тогда называли зернобобовые растения, было всего 91 образец – преимущественно горох, люпин и единичные образцы нескольких других видов зернобобовых, что отражало состояние производства этой группы культур в царской России (Вишнякова, 2012).

В 1923 г. отдел возглавил Л. И. Говоров – старый знакомый Н. И. Вавилова по Московскому СХИ – непревзойденный знаток зернобобовых культур. По словам Е. Н. Синской «...Говоров был очень образованным и эрудированным человеком, особенно в области селекции, семеноводства, методики селекции. Он был самым ярким адептом Н. И. Вавилова, наиболее горячим и страстным его сторонником и ближайшим сотрудником». За время его работы в ВИР коллекция отдела выросла до 23 636 образцов. К 1940 г. в СССР селекцией было охвачено уже 9 зернобобовых культур и районировано 77 сортов. В этом большая заслуга Н. И. Вавилова, организованной при его деятельном участии Госсортосети, отдела зернобобовых культур и его руководителя, который возглавлял отдел вплоть до своего ареста в 1941 г.

В 1945 г. заведовать отделом стал Н. Р. Иванов – один из наиболее способных учеников Н.И. Вавилова, также очень преданный его соратник. Время его руководства ознаменовано восстановлением коллекции после войны, мобилизацией большого количества нового материала, включая иностранные поступления, активизацией изучения генетического разнообразия коллекции, пропагандой значимости зернобобовых культур в масштабах государства.

После 1978 г. отделом руководили доктора наук Н. И. Корсаков, Н. М. Чекалин, С. И. Репьев, Б. С. Курлович, в настоящее время – М. А. Вишнякова.

В 2020 г. к отделу ГР ЗБК присоединена группа многолетних кормовых бобовых трав. История отдела, к которому ранее относилась эта группа, вполне самостоятельна. Отметим только, что, официальным началом работы с кормовыми культурами в ОПБиНК считается также 1922 год, когда подразделение носило название Отделение луговых. В разные времена отдел возглавляли: В. А. Кузнецов, Е. Н. Синская, Н. Г. Хорошайлов, П. А. Лубенец, А. И. Иванов, Н. И. Дзюбенко. В отделе работали крупнейшие специалисты по кормовым растениям: М. А. Шебалина, В. В. Суворов, Ю. Д. Сосков и др.

На 01.11.2021 г. коллекция отдела ГР ЗБК насчитывала 65 307 образцов: 55 168 в постоянном и 9612 в интродукционном каталоге. В ней сосредоточены представители 32 родов и 559 видов бобовых, при этом число культурных и культивируемых видов немногим более 60. Остальные – дикие родичи культурных растений – ресурс для интрогрессивной селекции и введения растений в культуру. Коллекция ГР ЗБК ВИР

сохраняет статус крупнейшей в Европе и непревзойденной по видовому разнообразию и уникальности образцов.

Более половины коллекции представляют экономически значимые для РФ культуры: горох, соя, фасоль, люпин, вика, чечевица, нут, чина, бобы, вика, вигна, клевер, люцерна, эспарцет, донник и другие. Назначение культур разнообразно: продовольственное, кормовое, техническое, сидерационное, фиторемедиционное, лекарственное, декоративное, медоносное и т. д. Ряд культур имеют многопрофильное использование (соя, люпин, горох, чина, гуар). В поддержании жизнеспособности и изучении коллекции задействованы все опытные станции института, поскольку культуры имеют разные ареалы возделывания.

Приоритетное направление изучения коллекции – определение закономерностей изменчивости фенотипических признаков, поиск наиболее ценных генотипов в качестве исходного материала для селекции. За последние 5 лет выявлено более 500 источников селекционно значимых признаков. В селекционные учреждения страны ежегодно рассылается около 2 тыс. образцов в качестве исходного материала для создания сортов, соответствующих требованиям времени.

В сотрудничестве с фундаментальными подразделениями ВИР и другими НИУ сотрудники отдела проводят работы по изучению биологических свойств растений: определению реакции образцов на неблагоприятные факторы среды (алюмо- и кадмий-толерантность, кислото-, соле- и засухоустойчивость, реакция на фотопериод), анализу качества зерна и зеленой массы, азотфиксирующей активности, метаболомному профилированию, отработке методов паспортизации образцов, особенностям сохранения жизнеспособности семян и т. п. Значимые успехи достигнуты в выявлении возможностей расширения агрономических ареалов культур, в частности, продвижения на север сои, фасоли, нута. Изучаются возможности культивирования кормовых бобовых трав в полярных широтах. На южных опытных станциях проводят работы по выявлению адаптивного потенциала не традиционных для РФ культур: маша, урда, гуара, лимской фасоли. Проводятся работы по систематике и филогении генофонда, истоки которых возникли в Бюро прикладной ботаники. В настоящее время для этого используют молекулярно-генетические методы, которые также применяют для изучения структуры и систематизации состава коллекции и для поиска генов-кандидатов селекционно значимых признаков культур.

Коллекция ежегодно пополняется не менее, чем 300-ми новыми образцами, в том числе, за счет экспедиционных сборов. С участием сотрудников отдела осуществлены экспедиции по обширной территории Северо-Запада и Северо-Востока Европейской части и центральных регионов РФ, Северного Кавказа, Среднего и Южного Урала, Забайкалья, Дальнего Востока и сопредельных государств: Северо-Восточного Китая, Армении, Грузии. В результате за последние 15 лет в коллекцию поступило более 600 экспедиционных образцов. Представители 25 видов из родов Вика (*Vicia*) и Чина (*Lathyrus*) привлечены в коллекцию впервые. Часть из них – эндемики, третичные реликты, редко встречающиеся в природе.

Сотрудниками отдела лично и в соавторстве с селекционерами страны созданы сорта: бобов – ‘Вировские’, ‘Карадах’, ‘Украинские слободские’, ‘Анна’, ‘Дружные’, ‘Находка’; фасоли – ‘Ребус’, ‘Елизавета’, ‘Успех’; гороха овощного – ‘Первенец’, ‘Кудесник-2’; люпина узколистного – ‘Белогорский 310’, ‘Олигарх’; нута – ‘ВИР 68’, ‘Шарик’, ‘Аватар’, ‘Атер’, ‘Сфера’; чечевицы – ‘Рауза’, ‘Пикантная’, ‘Восточная’, ‘Октава’, ‘Классика’, ‘Даная’, ‘Екатерининская зеленосемянная’; вики эрвильи – ‘Флория’; сои – ‘Светлана’; чины – ‘Славянка’; вигны – ‘Астраханская красавица’, ‘Жемчужина Каспия’, ‘Каспийская заря’, ‘Лянчихе’; гуара ‘Вавиловский 130’.

Методической основой работы служат изданные в разные годы монографии отдела: Муратова В.С. «Бобы (*Vicia faba* L.)» (1931), Залкинд Ф.Л. «Чина» (1953), Иванов Н.Р. «Фасоль» (1961), Макашева Р.Х. «Горох» (1973), тома «Культурной флоры»: «Горох» (1979) и «Вика» (1999), «Теоретические основы селекции (люпин, вика, соя, фасоль)»

(1995); Методические указания. «Коллекция мировых генетических ресурсов зерновых бобовых ВИР: пополнение, сохранение и изучение». ВИР, Санкт-Петербург, 2012 и издание второе доп., 2018.

Сотрудники отдела постоянно занимаются популяризацией знаний о зернобобовых культурах в выступлениях на различных форумах, в публикациях популярных статей и издании книги «Горох, бобы, фасоль...» (2000) для широкого круга пользователей.



1



2



3



4



5



6

Рисунки. Сорты зернобобовых культур, созданные с участием сотрудников отдела ГР ЗБК ВИР:

1. Сорты овощной вигны 'Паста грин' (Астраханская ОС ВИР);
2. Сорты гуара 'Вавиловский 130' (Кубанская ОС ВИР);
3. Сорты нута 'ВИР 68' (Екатерининская ОС ВИР);
4. Сорты кормовых бобов 'Дружные', обладающий дружным цветением и созреванием (Тульский НИИСХ);
5. и 6. Сорты овощной фасоли 'Елизавета' (г. Пушкин, Ленинградская обл.).

Список литературы

1. Вишнякова М.А. Роль Н.И. Вавилова в создании коллекции генетических ресурсов зернобобовых культур // Сельскохозяйственная биология. 2012. № 5. С. 31–38. DOI: 10.15389/agrobiology.2012.5.31rus

ИСТОРИЯ ОТДЕЛА БИОТЕХНОЛОГИИ ВИР, 1983–2022 гг.

Т. А. Гавриленко, С. Е. Дунаева, Г. И. Пендинен

Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова», Санкт-Петербург, Россия, *tatjana9972@yandex.ru

HISTORY OF VIR'S BIOTECHNOLOGY DEPARTMENT, 1983–2022

T. A. Gavrilenko*, S. E. Dunaeva, G. I. Pendinen

N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources, St. Petersburg, Russia, *tatjana9972@yandex.ru

Отдел биотехнологии ВНИИР им. Н.И. Вавилова был создан в 1983 году как лаборатория клеточной инженерии и культуры тканей. Возглавил лабораторию д.б.н. И. М. Суриков. Лаборатория разместилась в 4-ом корпусе Пушкинских лабораторий ВИР, где стали оборудовать помещения для работы с культурой клеток и тканей растений.

Во вновь созданной лаборатории развивались фундаментальные и прикладные исследования в области отдаленной гибридизации злаков и пасленовых, включая изучение особенностей взаимодействия геномов видов, расширение генетического разнообразия культурных растений, исследование интрогрессии селекционно ценных признаков. С использованием методов культуры *in vitro* незрелых зародышей и семян, позволяющих получать жизнеспособные межвидовые, межродовые половые гибриды

и гаплоиды, были получены отдаленные гибриды ряда видов семейства злаков (д.б.н. И. М. Суриков, к.б.н. Н. И. Кисель, к.б.н. С. Н. Звейнек, к.с.-х.н. Р. М. Рехметулин, к.б.н. Г. И. Пендинен), отдаленные гибриды томата (к.б.н. Г. А. Воробьева), с использованием гаплопродюсеров – гаплоиды ячменя (к.б.н. С. Е. Дунаева), и с применением методов слияния протопластов – уникальные межродовые и межвидовые соматические гибриды в семействе пасленовых (д.б.н. Т. А. Гавриленко). Для анализа интрогрессии в геномы культурных растений генетического материала диких видов активно использовались методы цитогенетики (к.б.н. Г. И. Пендинен, д.б.н. Т. А. Гавриленко), изоферментные маркеры (м.н.с. А. В. Павлов). Была собрана коллекция клонов диплоидного ячменя *Hordeum bulbosum* – гаплопродюсера культурного ячменя (к.б.н. С. Е. Дунаева.) и коллекция образцов диких видов ячменя (к.б.н. Г. И. Пендинен).

В разные годы в лаборатории клеточной инженерии и культуры тканей работали крупные специалисты в области цитоэмбриологии (д.б.н. М. П. Солнцева.) и цитогенетики (д.б.н. И. Н. Голубовская) растений.

Уже в первые годы в лаборатории активно разрабатывались методы сохранения в культуре *in vitro* коллекций образцов вегетативно размножаемых растений из генофонда ВИР. На базе сортов полевой коллекции ВИР было начато формирование *in vitro* коллекции земляники (к.с.-х.н. Н. П. Романова) и картофеля (д.б.н. Э. В. Трускинов., к.б.н. Л. И. Алексеева).

В 1988 году лаборатория клеточной инженерии и культуры тканей была переименована в лабораторию биотехнологии.

С начала 1990-х годов в лаборатории активно развивались методы культивирования протопластов пасленовых и исследования по межвидовой и межродовой соматической гибридизации, а также методам цитогенетического анализа полученных гибридов (д.б.н. Т. А. Гавриленко). В рамках этих тематиках были инициированы двусторонние проекты российско-немецкого и российско-финского сотрудничества, а также сотрудничество с Университетом Вагенингена (Нидерланды).

С 1992 по 1996 годы руководство лабораторией осуществляла к.б.н. О. Г. Козырева. В лаборатории разрабатывались эффективные методы индукции каллусогенеза и регенерации ячменя и пшеницы. У ячменя была показана онтогенетическая дифференциация зародышей как показатель компетентности их клеток к образованию морфогенетических каллусов, изучена цитогенетическая характеристика пассируемого каллуса в связи с его способностью к регенерации (к.б.н. С. Е. Дунаева, к.б.н. О. Г. Козырева совместно с сотрудниками лаборатории цитологии ВИР); выявлены генотипы ячменя, различающиеся по регенерационной способности, и изучен ее генетический контроль (к.б.н. С. Е. Дунаева, к.б.н. О. Г. Козырева). В культуре каллуса пшеницы были получены соматоклональные варианты, устойчивые к токсинам возбудителя темно-бурой листовой пятнистости и обыкновенной корневой гнили, на основе которых были созданы источники устойчивости пшеницы к данным заболеваниям (д.б.н. Л. Г. Тырышкин). В этот период были также расширены работы по созданию *in vitro* коллекций образцов ягодных культур (земляники, малины, смородины) и картофеля с использованием генофонда коллекции ВИР.

В период с 1998 по 2000 годы лабораторией биотехнологии руководила д.б.н. Л. А. Лутова. В 1998 г. лаборатория переехала в 1-ый корпус Пушкинских лабораторий ВИР, где и до настоящего времени занимает весь 1-ый этаж. В этот период было продолжено формирование *in vitro* коллекций, расширение видового и внутривидового разнообразия и увеличение числа образцов. Сотрудниками лаборатории были подготовлены и защищены две докторские диссертации (Э. В. Трускинов, 1997; Т. А. Гавриленко, 1999 г.).

С 2000 г. руководство лабораторией биотехнологии осуществляет д.б.н. Т. А. Гавриленко. С этого периода интенсифицируются исследования по клеточной инженерии экономически важных представителей семейства пасленовых (томаты, картофель), развиваются совместные исследования с зарубежными коллегами.

С использованием методов молекулярной цитогенетики исследован геномный состав интрогрессивных форм в различных комбинациях, в сериях возвратных скрещиваний выделены фертильные формы с комплексом хозяйственно ценных признаков (д.б.н. Т. А. Гавриленко); изучено наследование оргanelльных геномов в потомстве соматических гибридов (к.б.н. О. Ю. Антонова). Продолжены исследования отдаленных гибридов в семействе злаков. Основное направление – использование дикорастущих видов *Hordeum* в интрогрессивной гибридизации. На основе межвидового гибрида пшеницы с ячменем морским *Hordeum marinum* созданы фертильные формы (к.б.н. Г. И. Пендинен). В результате работ по межвидовой гибридизации *Hordeum vulgare* с *H. bulbosum* получена серия интрогрессивных форм культурного ячменя, несущих генетический материал ячменя луковичного (к.б.н. Г. И. Пендинен).

В 2009 году лаборатория биотехнологии была преобразована в отдел биотехнологии, руководителем которого по настоящее время является д.б.н. Т. А. Гавриленко. В отделе подготовлены и защищены кандидатские диссертации О. Ю. Антоновой, А. Б. Овчинниковой, Н. А. Швачко, И. Саматовой, Ю. В. Ухатовой, руководителем или соруководителем которых была д.б.н. Т. А. Гавриленко. Ежегодно в отделе биотехнологии выполняют исследования и готовят дипломные работы, бакалаврские и магистерские диссертации студенты ведущих вузов Санкт Петербурга, руководителями или соруководителями которых являлись: к.б.н. С. Е. Дунаева, О. Ю. Антоновой, к.б.н. Г. И. Пендинен, д.б.н. Т. А. Гавриленко).

Сотрудники отдела развивают стратегию создания дублетных коллекций и сохранения их в контролируемых условиях среды *in vitro* и крио (д.б.н. Т. А. Гавриленко, к.б.н. С. Е. Дунаева, к.б.н. О. С. Ефремова). С использованием современных подходов и методов в отделе биотехнологии сохраняется *in vitro* коллекция пробирочных растений образцов основных вегетативно размножаемых культурных растений (картофеля, ягодных, плодовых, луковых культур) – более 1000 образцов (данные 2022 г.). *In vitro* коллекция формируются как дублетная коллекция, преимущественно из образцов полевых коллекций ВИР, часть которых уже не представлена в полевых коллекциях и сохраняется только в условиях *in vitro*. На основе этой коллекции создается криоколлекция ВИР, в которой насчитывается более 200 образцов картофеля и 22 образца малины (к.б.н. Н. А. Швачко, к.б.н. Ю. В. Ухатова, Н. Н. Волкова, О. В. Лисицына, к.б.н. О. С. Ефремова, к.б.н. С. Е. Дунаева, А. М. Камнев).

В настоящее время в отделе биотехнологии активно развиваются следующие направления исследований: (1) исследование генетических и таксономических взаимосвязей культурных и родственных диких видов с привлечением различных типов ДНК маркеров и методов молекулярной цитогенетики. Получены новые данные о происхождении и генетической дифференциации культурных видов картофеля, приоритетные данные о геномном составе полиплоидных диких мексиканских видов картофеля (д.б.н. Т. А. Гавриленко, к.б.н. О. Ю. Антонова, к.б.н. Г. И. Пендинен). (2) исследования фундаментальных и прикладных аспектов интрогрессивной гибридизации с привлечением видов семейств пасленовых и злаковых (д.б.н. Т. А. Гавриленко, к.б.н. О. Ю. Антонова, к.б.н. Г. И. Пендинен); (3) с использованием различных систем ДНК маркеров проводится изучение генетического разнообразия коллекции культурных видов картофеля, сохраняемой в ВИР, в том числе с привлечением методов ДНК генотипирования и методов маркер вспомогательного отбора (MAS); развиваются методы генетической паспортизации сортового генофонда на примере сортов картофеля (д.б.н. Т. А. Гавриленко, к.б.н. О. Ю. Антонова, м.н.с., Н. С. Клименко, м.н.с. Д. А. Рыбаков, м.н.с. Н. А. Фомина) и сортов малины (к.б.н. О. Ю. Антонова, м.н.с. А. М. Камнев, к.б.н. С. Е. Дунаева, д.б.н. Т. А. Гавриленко). Совместно с сотрудниками Гербария ВИР инициирована новая программа по созданию номенклатурных стандартов генотипированных сортов.

Результаты работ сотрудников отдела биотехнологии, а также результаты их совместных исследований с коллегами других институтов РФ и зарубежных организаций, опубликованы в ведущих научных журналах, например: *Theoretical and Applied Genetics*,

Genome, Plant Science, Plant Breeding, Euphytica, Global ecology and biogeography, Genetic Resources and Crop Evolution, American Journal of Botany, Agronomy, а также: *Генетика, Экологическая генетика, Физиология растений, Вавиловский журнал генетики и селекции, Ботанический журнал, Растительные ресурсы, Труды по прикладной ботанике, генетике и селекции* и др. Сотрудники отдела биотехнологии являлись соавторами ряда коллективных монографий, изданных как в России, так и за рубежом.

В 2019 г. в рамках отдела биотехнологии была организована молодежная лаборатория молекулярной селекции и ДНК-паспортизации (зав. лабораторией – к.б.н. О. Ю. Антонова); в состав этой лаборатории вошли молодые сотрудники: Ф. А. Беренсен, А. М. Камнев, А. К. Макаов, А. Ф. Москалу, И. В. Поротников, Д. А. Рыбаков, Р. В. Смирнов, Н. А. Фомина, И. Э. Храбров, Н. О. Шаблюк, В. Желтова, Т. О. Макарова. С этого момента существенно интенсифицировались совместные молекулярно-генетические исследования сотрудников отдела биотехнологии с ресурсными отделами института и с опытными станциями ВИР.

Свой вклад в работу отдела биотехнологии в разные годы ее существования внесли и продолжают вносить сотрудники, специалисты и лаборанты: Г. В. Касинова, Т. Т. Морозова, С. Э. Смоленская, Л. Г. Дворянова, А.Б. Овчинникова, Е. А. Крылова, Н. А. Швачко, О. В. Апаликова, Е. В. Попова, С. В. Зенько, М. С. Арсютина, Е. К. Ульянова, А. Е. Малофеева, Л. А. Крылова, Д. В. Фролова, А. И. Васильева, Е. В. Васильева, Т. В. Никуленкова, М. Л. Истомина, М. Н. Иванова, И. В. Сысоева, Т. И. Иванова, З. Х. Пазова, Е. Казакова, В. В. Роговая, Е. Д. Бондаренко, Я. В. Федорина, И. А. Петросян, Л. Р. Колючая, Ю. В. Лупышева, Л. Е. Шувалова, Г. С. Рокко, А. О. Желтова, М. М. Черепко, Т. А. Иевлева, О. Ю. Шувалов, А. Р. Шувалова



ОСНОВНЫЕ АСПЕКТЫ РАБОТЫ С КОЛЛЕКЦИЯМИ ОТДЕЛА ГЕНЕТИЧЕСКИХ РЕСУРСОВ ПШЕНИЦЫ ВИР

Е. В. Зуев*, О. П. Митрофанова, О. А. Ляпунова, Н. Н. Чикида
Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова», Санкт-Петербург, Россия, *e.zuev@vir.nw.ru

THE MAIN ASPECTS OF WORKING WITH THE COLLECTIONS OF VIR'S WHEAT DEPARTMENT

E. V. Zuev*, O. P. Mitrofanova, O. A. Lyapunova, N. N. Chikida
N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources, St. Petersburg, Russia,
*e.zuev@vir.nw.ru

В 2022 г. исполняется 100 лет Пушкинским лабораториям ВИР. Основателем их был Н.И. Вавилов, организовавший в 1922 г. Детскосельскую опытную станцию в Детском селе, переименованном в 1937 г. в город Пушкин. Название «Пушкинские лаборатории ВИР» станция получила в 1939 г. В настоящее время г. Пушкин стал фактическим центром аграрной науки в северо-западной части Российской Федерации (Трускинов, 1912). Сегодня Пушкинские лаборатории ВИР занимают среди них заметное место. Это по-прежнему центр фундаментальных исследований ВИР, где отдел генетических ресурсов пшеницы на протяжении всего периода его существования проводил полевые и лабораторные исследования своей коллекции.

Отдел генетических ресурсов пшеницы ведет свою историю с момента прихода в Бюро по прикладной ботанике 1 сентября 1907 г. К. А. Фляксбергера, выдающего ботаника-тритиколога, создавшего основу для планомерных научных исследований пшеницы в России (Митрофанова, Удачин, 2007). Особенно плодотворно секция пшениц стала работать с 1925 г., став подразделением организованного Всесоюзного института прикладной ботаники и новых культур, преобразованного в 1930 г. во Всесоюзный институт растениеводства. На протяжении этого периода в исследованиях по пшенице активно участвовали Н. И. Вавилов и П. М. Жуковский, сыгравшие исключительную роль в создании мировой коллекции пшениц. С коллекцией работали известные тритикологи, такие как Е. Ф. Пальмова, М. М. Якубцинер, А. В. Пухальский, Р. А. Удачин, Э. Ф. Мигушова. По инициативе академика Д. Д. Брежнева секция пшениц отдела зерновых культур в 1966 г. получила официальный статус – отдел пшениц ВИР. Заведующим отделом был избран В. Ф. Дорофеев, ставший в 1979 г. директором института, который продолжал руководить и отделом до 1987 г. В дальнейшем отделом руководили А. Ф. Мережко (1987–1996), О. П. Митрофанова (1997–2017), Е. В. Зуев (с 2017 г.). Согласно приказу № 182 директора ВИР от 23.11.2001 г. название отдела изменено на «Отдел генетических ресурсов пшеницы». Сейчас в отделе работает 11 научных сотрудников, два специалиста и два лаборанта-исследователя (рис. 1).

Отдел генетических ресурсов пшеницы сохраняет мировое разнообразие рода *Triticum* L., его ближайшего родича – *Aegilops* L. и синтетической культуры *Triticale* Wittm. Первые образцы поступили в коллекцию в 1902 г. из Германии: ‘Polnischer Weize’ (к-53, *Triticum polonicum* L.), ‘Amidonnier Weisser’ (к-81, *Triticum dicoccum* (Schrank) Schuebl.) и ‘Griechischer von Paros’ (к-83, *Triticum durum* Desf.). Первые поступления мягкой пшеницы в коллекцию датируются 1907 г. В этом году в каталог отдела был включен местный сорт яровой мягкой пшеницы (*Triticum aestivum* L.) ‘Красноколоска’ с Дымковского монастырского поля (г. Великий Устюг, Вологодская обл.). Коллекция отдела в настоящее время насчитывает 49 793 образца из 90 стран мира. Значительные доли приходятся на озимую мягкую пшеницу (15 598 обр.), яровую мягкую пшеницу (15 328 обр.) и твердую пшеницу (6540 обр.). Особо ценным материалом являются местные сорта,

собранные академиком Н.И. Вавиловым и его соратниками в период с 1902 по 1940 гг. (рис. 2). Это знаменитые Крымки, Белотурки, Гирки, Сандомирки, Банатки, Полтавки, Кубанки и другие, послужившие исходными формами для создания многих ценных сортов в разных странах мира. В коллекции также представлены селекционные сорта (современные возделываемые и вышедшие из употребления), ценные селекционные и генетические линии, источники и доноры хозяйственно-ценных признаков. Коллекция диких и примитивных пшениц включает 3273 образцов, принадлежащих к 27 видам, описанных в Культурной флоре СССР (Дорофеев и др., 1979). Коллекция тритикале включает 4242 образца из 47 стран мира. В коллекции эгилопса собрано 4812 образцов, принадлежащих к 27 ботаническим видам с довольно полным охватом их эколого-географического разнообразия (рис. 3). В коллекции сохранены образцы пшеницы и эгилопса, собранные 362 экспедициями ВИР с 1912 по 2015 гг. Наибольшее количество образцов в экспедициях собрано Н. И. Вавиловым (1602), П. М. Жуковским (906), Р. А. Удачным (887), В. Ф. Дорофеевым (768), Э. Ф. Мигушовой (583), Н. Н. Кулешовым (469), В. М. Берлянд-Кожевниковым (462), Е. А. Столетовой (404), В. К. Кобелевым (383), В. В. Марковичем (329), Л. В. Семеновой (301). В последнее 20-летие сотрудники отдела принимали активное участие в международных экспедициях: в Армению (Н. Н. Чикида, 2003; А. Н. Брыкова, 2008), Азербайджан (Е. В. Зуев, 2008), Эфиопию (Е. В. Зуев, 2012).

Отдел проводит научные исследования по следующим направлениям: пополнение коллекций редкими дикими формами, ценными сортами и линиями; обеспечение безопасного сохранения коллекций; оптимизация структуры и состава с использованием молекулярных маркеров; скрининг коллекций, выделение источников и создание доноров хозяйственно-ценных признаков для селекции; создание электронной системы документации для анализа данных и оперативного управления коллекциями; снабжение учреждений России образцами коллекции.

Ежегодно для поддержания всхожести, размножения для закладки на оперативное и длительное хранение в Кубанский генетический банк семян и в Лабораторию длительного хранения ВИР, на филиалах ВИР и опытном поле в Пушкине высевают около 10 000 образцов пшеницы, тритикале и эгилопса. Полевое изучение в среднем в год проходят 3616 образцов, а методических лабораториях ВИР – 850. Размножение и полевое изучение отдел ГР пшеницы проводит на Кубанском, Дагестанском, Екатерининском филиалах ВИР, опытном поле института в Пушкине, в отделе поддержания и изучения генофонда ФНЦ Садоводства (Михнево). С 2021 г. изучение яровой мягкой пшеницы начато на Полярном филиале, а с 2022 г – на Дальневосточном.

В результате комплексного изучения за последние четыре года выявлены 863 источника по следующим изучаемым признакам: скороспелость, крупнозерность, высокая урожайность, выполненность зерна, короткостебельность и устойчивость к полеганию, ювенильная и взрослая устойчивость к грибным болезням (бурая, стеблевая и желтая ржавчины, мучнистая роса, септориоз, темно-бурая листовая пятнистость, пыльная головня, корневые гнили), зимостойкость, алюмоустойчивость, слабая фотопериодическая чувствительность. Большинство источников выявлено совместно с сотрудниками отдела генетики ВИР. Выявленные источники и новые образцы ежегодно рассылаются в различные учреждения России для использования в селекции, учебных программах и научных исследованиях.

В отделе также представлены и другие направления научно-исследовательской работы. Изучаются созданных в отделе ГР пшеницы линий от скрещивания мягкой озимой пшеницы с рожью (Поротников и др., 2020) и синтетической гексаплоидной пшеницей, а также пшенично-пырейных гибридных форм, присланных в коллекцию ВИР. Наряду с полевой оценкой линий и форм, проведены их цитогенетические исследования с использованием метода GISH, которые позволили охарактеризовать межродовые гибридные линии по составу геномов и хромосом. С 2000 г. в отделе создается информационная система «Яровая мягкая пшеница ВИР». Оцифрованы данные из полевых

журналов с 23 мест изучения за период 1961–2020 гг., суммарный объем ввода составил 212 000 записей. На основании полученных данных создаются признаковые коллекции для основных селекционных центров России. В 2013 г. и в 2019 г. вышли первое и второе издание «Атласа разнообразия мягкой пшеницы (*Triticum aestivum* L.) по признакам колоса и зерновки» (Зуев и др., 2019). Завершена работа над внутривидовой классификацией твердой пшеницы (*Triticum durum* Desf.) С учетом выявления новых разновидностей и форм отредактирован определитель внутривидового разнообразия культуры и предложена унифицированная классификация (Ляпунова, 2020, 2021). Проведено ботаническое описание нового подвида *Aegilops tauschii* Coss. subsp. *iranica*. Подвид был выделен в отделе ГР пшеницы на основании изучения иранских образцов. Совместно с отделом биохимии и молекулярной биологии ВИР проводится работа по оценке соответствия репродукции оригиналу у образцов яровой мягкой пшеницы с помощью электрофоретических спектров глиадина, а также работа по регистрации местных сортов твердой пшеницы. В 2020 г. районирован сорт озимой тритикале ‘Билинда’ зернофуражного направления, соавтором сорта является ведущий научный сотрудник отдела ГР пшеницы Н. Н. Чикида (Бекиш и др. 2020).



Рис. 1. Сотрудники и лаборанты отдела ГР пшеницы, ВИР, 2022
Фото А. А. Леншина

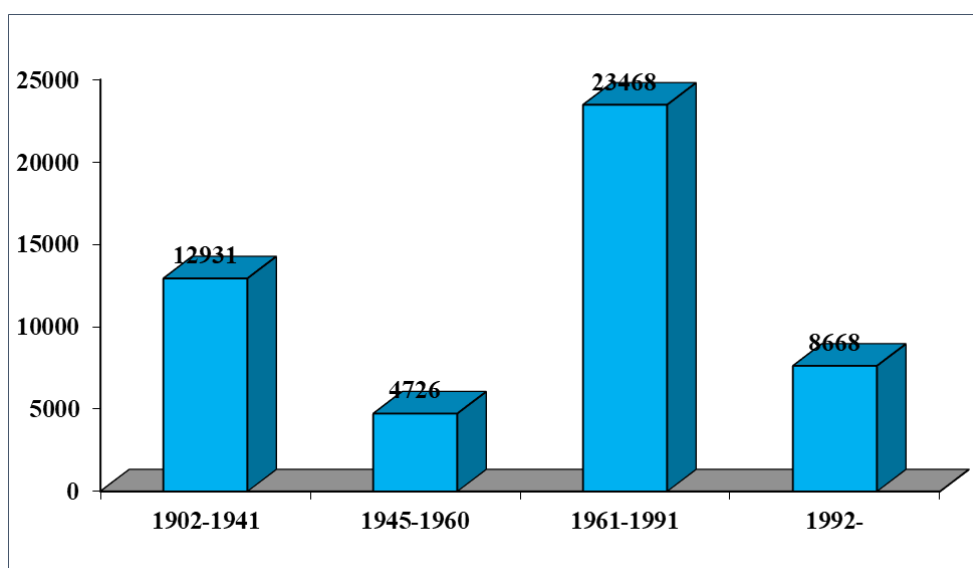


Рис. 2. Основные этапы формирования коллекций пшеницы, эгилопса и тритикале в ВИР (основной каталог)

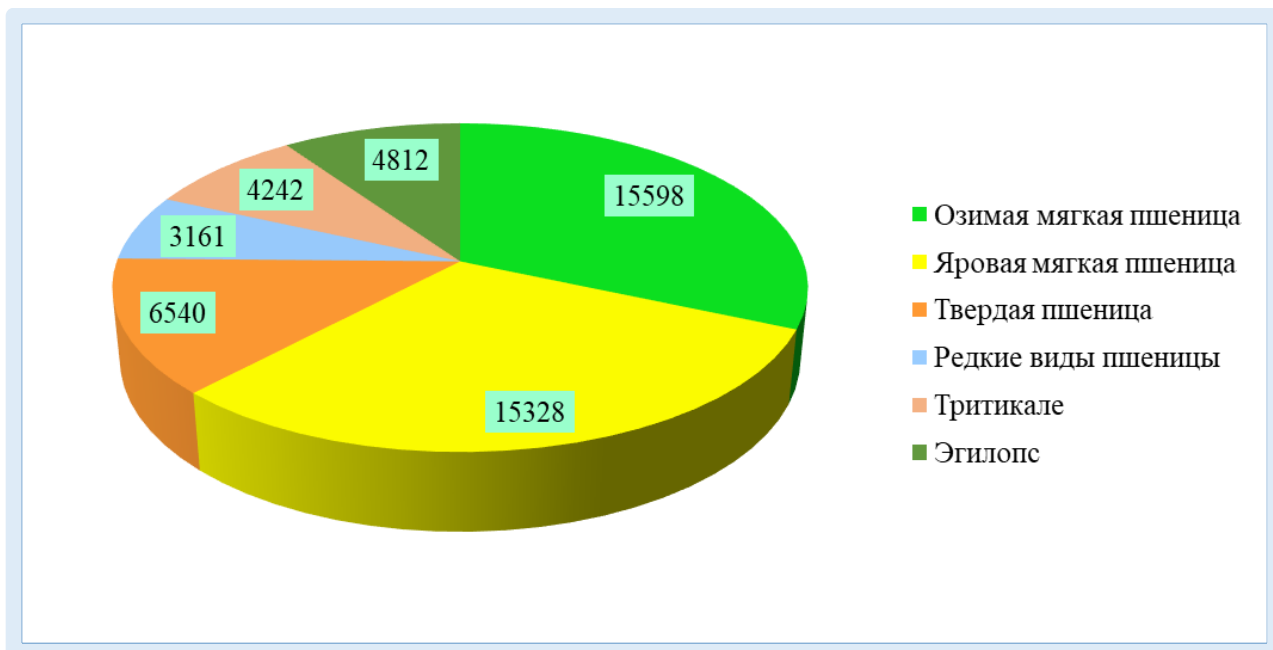


Рис. 3. Состав коллекции отдела генетических ресурсов пшеницы ВИР

Список литературы

1. Бекиш Л.П., Успенская В.А., Пенева Т.И., Чикида Н.Н. Характеристика морфобиологических и хозяйственно ценных признаков озимой гексаплоидной тритикале сорта 'Билинда', районированного по Северо-Западному региону РФ // Труды по прикладной ботанике, генетике и селекции. 2020. Т. 181, вып. 4. С. 102–111. DOI: 10.30901/2227-8834-2020-4-102-111
2. Дорофеев В.Ф., Филатенко А.А., Мигушева Э.Ф., Удачин Р.А., Якубцинер М.М. Культурная флора СССР. Пшеница. Ленинград: Колос, 1979.
3. Зуев Е.В., Амри А., Брыкова А.Н., Пюккенен В.П., Митрофанова О.П. Атлас разнообразия мягкой пшеницы (*Triticum aestivum* L.) по признакам колоса и зерновки / ответственный редактор Н.П. Гончаров. 2-е изд., испр. и доп. Санкт-Петербург: ВИР, 2019. 131 с.
4. Ляпунова О.А. Иллюстрированный определитель внутривидовых таксонов *T. durum* Desf. // Vavilovia. 2020. Т. 3, № 2. С. 9–34. DOI: 10.30901/2658-3860-2020-2-9-34.
5. Ляпунова О.А. Внутривидовое разнообразие твердой пшеницы (*Triticum durum* Desf.): унифицированная классификация // Вавиловский журнал генетики и селекции. 2021. Т. 25, № 3. С. 260–268. DOI: 10.18699/VJ21.029
6. Митрофанова О.П., Удачин Р.А. Константин Андреевич Фляксбергер – основоположник научного изучения пшеницы в России // Информационный вестник ВОГиС. 2007. Т. 11, № 3-4. С. 591–608.
7. Поротников И.В., Антонова О.Ю., Митрофанова О.П. Молекулярные маркеры в генетическом анализе скрещиваемости мягкой пшеницы с рожью» (обзор) // Вавиловский журнал генетики и селекции. 2020. Т. 24, № 6. С. 557–567. DOI: 10/18699/VJ20.649
8. Трускинов Э.В. Н.И. Вавилов – основатель Центральной селекционно-генетической станции Отдела прикладной ботаники и селекции. к 90-летию Пушкинских лабораторий ВИР // Вавиловский журнал генетики и селекции. 2012. Т. 16. № 3. С. 716–722.

**ОТДЕЛ МОЛЕКУЛЯРНОЙ БИОЛОГИИ
В ПУШКИНСКИХ ЛАБОРАТОРИЯХ ВИР, 1967–2022гг**

А. В. Конарев

Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова, Санкт-Петербург, Россия, a.konarev@vir.nw.ru

**THE DEPARTMENT OF MOLECULAR BIOLOGY
AT PUSHKIN LABORATORIES OF VIR, 1967–2022**

A. V. Konarev

N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources, St. Petersburg, Russia,
a.konarev@vir.nw.ru

Один из самых успешных и многочисленных отделов института (около 50 сотрудников, аспирантов, лаборантов и инженеров), в 1970–1990 годы занимавший полтора этажа корпуса №1 Пушкинских лабораторий ВИР, с холодной комнатой, вивариумом на сотню и более кроликов и др., сегодня занимает несколько комнат корпуса №1. Известные политические и экономические преобразования 1990-х годов, неумолимое время, несущее болезни и потери, привели к ослаблению, а в ряде случаев – к утрате перспективных научных направлений, обеспечивавших высокий научный уровень ВИР и отдела.

Но мы исходим из того, что Люди уходят, но дела остаются!

Отдел начал формироваться в 1967 году под руководством проф. В. Г. Конарева. В числе первых сотрудников, позже возглавивших основные научные направления И.П. Гаврилюк (иммунохимия), С. Л. Тютерев, В. Г. Алексеев, Ш. Гилязетдинов (группа нуклеиновых кислот), М. Блюденев (группа электронной микроскопии), В. Чмелева (группа белкового и аминокислотного анализа) и др.

В лабораторию были приняты высококвалифицированные инженеры С. С. Никуленко и М. Н. Гайдукова. Первые результаты опубликованы в виде книг и статей: «Методы биохимии и цитохимии нуклеиновых кислот растений» (Конарев, Тютерев, 1970), «Вопросы гетерозиса у растений» (Конарев и др., 1971). Группу иммунохимии (позднее – лабораторию) возглавила канд. биол. наук И. П. Гаврилюк, Группу нуклеиновых кислот – С. Л. Тютерев, группу белкового и аминокислотного анализа – З. В. Чмелева. Электронную микроскопию с успехом применили в анализе структурной и функциональной организации хромосом пшеницы (М. Блюденев). В 1971 году канд. наук стали С. Т. Сатбалдина, Р. Ф. Махлаева, Н. К. Губарева, в 1972 году – А. Ю. Рубчя, М. Блюденев, а в 1973 – А. Г. Хакимова и т. д. (см. В. Г. Конарев: «Молекулярно-биологические исследования генофонда культурных растений в ВИР (1967–2007 гг.)». Сидорова В.В. и Конарев А.В., 2007 г. СПб., ВИР, 134 с.). Основным направлением (методическим подходом) работы отдела с первых дней являлся молекулярно-биологический анализ мирового генофонда на основе принципов и методов белковых маркеров. Важным достижением явилось установление природы первого генома полиплоидной (мягкой) пшеницы *Triticum aestivum* L., его родство с геномом *T. urartu* (Конарев, И. П. Гаврилюк, Э. Ф. Мигушова, 1974–1976), а также геномов В и D мягкой пшеницы (Т. И. Пенева, А. Г. Хакимова, 1972, 1973). В тесном сотрудничестве с ISTA осуществлена разработка стандартных (в т. ч. международных: ISTA. International Rules, 1976) методов электрофореза для идентификации сортов сельскохозяйственных

культур (Н. К. Губарева, В. Г. Конарев, И. П. Гаврилюк, Т. И. Пенева, 1971–1975). Отдел пополнялся новыми сотрудниками, защитившими диссертации в ВИР под руководством В. Г. Конарева, И. П. Гаврилюк и др., а позже А. В. Конарева: А. Тарлаковская, И. Анисимова, П. Стрельченко, Е. Гаевская, А. Оглуздин, Н. Кудрякова, Э. Э. Егги, Т. Васильева, Т. Жебентяева и др. Значительные успехи были достигнуты в разработке методов популяционного анализа для использования в селекции и решения проблем адаптации. Электрофоретический анализ полиморфных белков дал возможность раскрывать генетический потенциал видов и популяций, идентифицировать генотипы и регистрировать сорта, биотипы, линии и гибриды в виде белковых формул. (Т. И. Пенева, Н. К. Губарева, В. Г. Конарев, Б. Л. Буткуте, И. Н. Перчук, И. Введенская, Н. Алпатьева, Н. М. Мартыненко, И. П. Гаврилюк и др.). Исследования В. В. Сидоровой и сотрудников по кукурузе привели к разработке надежного метода идентификации по зеину сортовых популяций, регистрации инбредных линий, а также контроля за их генетической однородностью, оценки генетической конституции многолинейных гибридов и к определению гибридности семян первого поколения в гетерозисной селекции и семеноводстве гибридной кукурузы. Обновлено методическое указание «Анализ и регистрация линий, сортов и гибридов кукурузы методом электрофореза зеина (Керв Ю.А., Сидорова В.В., 2018). Разработанные в ВИР и принятые в качестве отечественных и международных стандартных методы семенного контроля важнейших сельскохозяйственных культур с использованием электрофоретических спектров запасных белков семян внедрялись в работу государственных контролирующих органов систем Россельхознадзора и Россельхозцентра. Только за последние годы отдел биохимии и молекулярной биологии (и входящая в его состав «Испытательная лаборатория по анализу сортов и семян с.-х. культур методом электрофореза белков» ВИР им. Н.И. Вавилова передали методику идентификации сортов важнейших сельскохозяйственных культур методом электрофореза белков семян специалистам Татарской, Оренбургской, Санкт-Петербургской, Красноярской, Краснодарской, Брянской МВЛ (Межобластная ветеринарная лаборатория), Башкирского НИИСХ, Ростовского и др. референтных центров Россельхознадзора. Работа с белковыми маркерами велась одновременно с развитием методов ДНК-гибридизации (Махлаева, Стрельченко, Шатов, Гаевская). В течение 30 лет (по 1997) группа белка и НК (руководитель З. В. Чмелева) проводила оценку генофонда культурных растений и их диких сородичей на содержание и качество белка. Издано 64 каталога мировой коллекции (26 культур с оценкой содержания белка и его аминокислотного состава). Обучение методам белкового и аминокислотного анализа прошли десятки стажеров и аспирантов. Группа сокращена в 1997 году. Годом раньше такая же участь постигла и лабораторию иммунохимии. Не могу не отметить, что эти подразделения были хорошо известны в стране и за рубежом. Иммунохимическому подходу к решению проблем генетических ресурсов, филогении и геномного родства в лаборатории обучались многие в том числе зарубежные специалисты Германии, Великобритании, Чехословакии и др. Анализ причин и факторов такого рода «преобразований» не входит в нашу задачу.

Наиболее важные (фундаментальной и прикладной значимости) публикации отдела:

1. Конарев В.Г. Молекулярно-биологические исследования генофонда культурных растений в ВИРе (1967–2007 гг.) / составители: В.В. Сидорова, А.В. Конарев. Изд. 2-е, доп. Санкт-Петербург: ВИР, 2007. 136 с.

2. Молекулярно-биологические аспекты прикладной ботаники, генетики и селекции / под редакцией В.Г. Конарева. Москва: Колос, 1993. 447 с. (Теоретические основы селекции ; т. 1).

3. Конарев А.В. Адаптивный характер молекулярного полиморфизма и его использование в решении проблем генетических ресурсов растений и селекции // Аграрная Россия. 2002. № 3. С.4–10.

4. Идентификация сортов и регистрация генофонда культурных растений по белкам семян / под редакцией В.Г. Конарева. Санкт-Петербург: ВИР, 2000. 186 с.

5. Аграрная Россия. 2015. № 11: К 100-летию со дня рождения академика В.Г. Конарева. 44 с.

6. Molecular biological aspects of applied botany, genetics and plant breeding / V.G. Konarev (ed.). St. Petersburg: VIR, 1996. 280 p. (Theoretical basis of plant breeding ; vol. 1).

7. Научная конференция «40 лет молекулярно-биологическим исследованиям генетических ресурсов растений в ВИРе», Санкт-Петербург, 03–06 апреля 2007. URL: <http://vir.nw.ru/workshop/40molbio.htm> ; <https://disk.yandex.ru/i/NNj-ZLOYMZwstw> ; <https://disk.yandex.ru/client/disk> (полный доступ ко всему фотоальбому конференции).



Фото. Отдел молекулярной биологии к тезисам «Отдел молекулярной биологии в Пушкинских Лабораториях ВИР (1967–2022)».

Первый ряд: М. Блюденов, Л. П. Кругляк (зам. по хозяйственной части), инженер С. С. Никуленко, А. В. Конарев, А. С. Оглуздин, А. Грушин. Второй ряд: в центре И. П. Гаврилюк и З. В. Чмелева. Третий ряд: третья слева Е. И. Гаевская, Р. Ф. Махлаева, А. А. Ямалеева, Н. К. Губарева.

ИСТОРИЯ ОТДЕЛА ФИЗИОЛОГИИ РАСТЕНИЙ ВИР

И. А. Косарева

Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова, Санкт-Петербург, Россия

HISTORY OF VIR'S DEPARTMENT OF PLANT PHYSIOLOGY

I. A. Kosareva

N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources, St. Petersburg, Russia

Около 50 лет проработала в ВИР кандидат сельскохозяйственных наук Ирина Александровна Косарева, из них почти 30 лет она возглавляла отдел физиологии растений. 8 ноября 2021 г. ее не стало. В память об этом замечательном ученом в сборнике публикуется ее вторая статья об истории отдела. Ранее, в 2012 г., И. А. Косарева

опубликовала статью «Отдел физиологии растений: прошлое и настоящее» в сборнике статей и воспоминаний, посвященных 90-летию Пушкинских лабораторий ВИР (Косарева, 2012). – Примеч. ред.

В конце 2021 г. отдел физиологии растений реорганизован, сотрудники в составе группы физиологии вошли в состав научного коллектива отдела генетики ВИР. – Примеч. ред.

Отдел физиологии растений основан в 1924 по указанию Н. И. Вавилова. Основными целями исследований отдела являлись: 1) апробация и разработка новых методов изучения генофонда растений к стрессорам, диагностика устойчивости образцов коллекций к неблагоприятным абиотическим факторам (засуха, низкая температура, засоление, высокая почвенная кислотность); определение потенциала адаптивности изученного набора образцов и выделение устойчивых форм; 2) оценка реакции растений на различный фотопериод, изучение фотопериодической чувствительности (ФПЧ) и скороспелости; выделение форм с контрастной ФПЧ и разными сроками созревания.

На текущий момент поставлены следующие задачи: изучить генетическую изменчивость алюмоустойчивости и выделить ценные формы в генофонде зерновых, овощных и зернобобовых культур; оценить на соле- и засухоустойчивость фрагмент коллекции вики и выделить устойчивые образцы. На устойчивость к низкой положительной температуре оценить образцы сои, выявить потенциал холодоустойчивости изучаемого фрагмента коллекции и выделить устойчивые образцы; оценить генетическую изменчивость ФПЧ и скороспелости наборов образцов зерновых, зернобобовых и крупяных культур, выделить формы с контрастной ФПЧ и разными сроками созревания.

Основные объекты изучения генофонда: пшеница яровая и озимая, эгилопсы; тритикале; серые хлеба: ячмень, овес; крупяные: гречиха, лен, кукуруза, сорго; зернобобовые: вика, горох, нут, соя, фасоль, бобы; кормовые: донник, клевер, люцерна; овощные: капуста, редис, редька.

Методы исследований: вегетационный метод с разным фотопериодом (оценка на ФПЧ и сроки созревания) или уровнем стрессорной нагрузки (устойчивость к засолению, засухе, низкой температуре, высокой кислотности); лабораторные методы при проведении диагностики кислото(алюмо)-, соле-, засухо-, холодоустойчивости; полевой метод при размножении изогенных линий или выделившихся образцов, испытании новых форм удобрений (хоздоговорные тематики).

Основные достижения отдела физиологии растений ВИР. Главное направление исследований в довоенные и послевоенные годы – вопросы прикладной физиологии устойчивости растений к экстремальным условиям произрастания (засуха и низкие температуры) и аспекты индивидуального развития растений. Отделом руководили: проф. Н. А. Максимов в 1924–1933 гг., проф. И. И. Туманов в 1933–1941 гг., проф. В. И. Разумов в 1941–1972 гг. Среди важнейших результатов в довоенный период имели теоретическое обоснование процессов повреждения и защиты растений при низкотемпературном и водном стрессе и разработка на их основе методологических подходов для количественной оценки степени повреждения растений указанными стрессорами. В отделе был сформирован коллектив физиологов мирового уровня: Н. А. Максимов, И. И. Туманов, Т. А. Красносельская, И. В. Красовская, Ф. Д. Сказкин, В. И. Разумов, Б. С. Мошков. Исследованиями этих ученых и их коллегами были заложены основы новой науки – экологической физиологии растений.

В 1970–1980 гг. основными направлениями исследований в отделе являлись следующие: анализ механизмов действия стрессоров абиотической природы на растения (кроме температурного и водного изучался ионный стресс) и процессов адаптации растений к неблагоприятным воздействиям, методические задачи (разработка и совершенствование методов оценки коллекций) и широкомасштабный скрининг ряда культур на абиотическую устойчивость. В эти годы были получены основополагающие результаты в физиологии

устойчивости растений к неблагоприятным абиотическим факторам. Коллектив отдела насчитывал более 30 сотрудников, отличавшихся высоким профессионализмом и ответственностью в работе. В его состав входили: Г. В. Удовенко (зав. отделом), Т. В. Олейникова, В. Н. Синельникова, Э. А. Барашкова, Н. Н. Кожушко, Э. А. Гончарова, Г. В. Давыдова, Е. Н. Алексеева, А. М. Волкова и другие.

Следует отметить широкие исследования по фотопериодизму, проводившиеся в это время в ВИР. Фактически, работы, проведенные в этот период, создали фундамент для изучения, внутри- и межвидовой изменчивости ФПЧ и скороспелости, физиолого-генетических механизмов ФПЧ. В состав лаборатории входили: В. И. Разумов, Р. С. Лимарь, Л. В. Романова, О. А. Иванова, В. А. Кошкин, И. И. Матвиенко и др.

С 1992 г. отделом физиологии растений, созданным на основе слияния нескольких лабораторий, руководит И. А. Косарева. В отделе в разное время работали известные специалисты в области фотосинтеза, теневыносливости, ФПЧ и скороспелости, устойчивости к стрессам: О. Д. Быков, М. И. Зеленский, О. В. Сахарова, В. А. Кошкин, О. А. Иванова, Э. А. Барашкова, Г. В. Давыдова, Е. В. Семенова и другие.

В настоящее время коллектив отдела составляют 5 сотрудников: И. А. Косарева, И. И. Матвиенко, З. А. Щедрина, Н. Д. Кравчук, М. Ю. Волкова. В отделе, кроме традиционных направлений диагностики генофонда на абиотическую устойчивость растений (низкая температура, засуха, засоление), широкое изучение получила проблема северных почв – кислотоустойчивость растений. Разработаны методы скрининга, диагностированы тысячи образцов коллекций ряда культур, впервые дана оценка их алюмоустойчивости, изучена генетика признака, построены математические модели физиологических откликов растений на комплексный эдафический стресс в почвенной культуре (варьирование уровней рН, Al, влажности субстрата, элементов минерального питания).

В группе роста и развития растений, под руководством В. А. Кошкина, разработаны методы оценки генетического разнообразия на ФПЧ и скороспелость, по которым получен ряд авторских свидетельств. Созданы и запатентованы изогенные линии яровой пшеницы и овса по генам *Ppd*. Идентифицированы гены, ответственные за фотопериодическую чувствительность, установлена их локализация в хромосомах. Созданы ультраскороспелые линии и сорт пшеницы и ячменя, получившие использование в народном хозяйстве.

Основные методологические подходы тестирования коллекций изложены в методических указаниях ВИР (Методические указания..., 1995, Кривченко и др., 1999) и сборниках научных трудов. Результаты оценки коллекций различных культур по признакам абиотической устойчивости, ФПЧ и скороспелости опубликованы в многочисленных каталогах и научных статьях.

И.А. Косарева, 30.07.2019.

Список литературы

1. Косарева И.А. Отдел физиологии растений: прошлое и настоящее // Пушкинские лаборатории ВИР (1922–2012): сборник статей и воспоминаний, посвященных 90-летию Пушкинских лабораторий ВИР. Санкт-Петербург; Пушкин: ВИР, 2012. С. 67–72.

2. Кривченко В.И., Буренин В.И., Барашкова Э.А., Косарева И.А., Давыдова Г.В., Семенова Е.В., Пережогина В.В., Булатова Н.А., Белова И.Г., Буренин С.В. Диагностика абиотической и биотической устойчивости овощных культур: методические указания. Санкт-Петербург: ВИР, 1999. 31, [1] с.

3. Методические указания по определению кислотоустойчивости зерновых культур : методические указания = [Определение кислотоустойчивости зерновых культур : методические указания] / составители: И.А. Косарева, Г.В. Давыдова, Е.В. Семенова. Санкт-Петербург: ВИР, 1995. 23, [1] с.

ИСТОРИЯ И СОВРЕМЕННОСТЬ ОТДЕЛА ГЕНЕТИЧЕСКИХ РЕСУРСОВ МАСЛИЧНЫХ И ПРЯДИЛЬНЫХ КУЛЬТУР

С. Н. Кутузова, А. Г. Дубовская*

Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова, Санкт-Петербург, Россия, *a.dubovskaya@vir.nw.ru

HISTORY AND MODERNITY OF THE DEPARTMENT OF GENETIC RESOURCES OF OILSEEDS AND FIBER CROPS

S. N. Kutuzova, A. G. Dubovskaya*

N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources, St. Petersburg, Russia,
*a.dubovskaya@vir.nw.ru

Начало создания коллекции генетических ресурсов масличных и прядильных культур было положено еще Бюро Прикладной Ботаники и новых культур в 1922 году. При образовании Всесоюзного института прикладной ботаники и новых культур в 1925 г. было создано Отделение масличных, полевых корнеплодов и прядильных растений в составе отдела Полевых культур. В послевоенные годы из этого отдела выделился ряд самостоятельных подразделений, в т. ч. отдел технических культур, включающий коллекции масличных, прядильных, каучуконосных, нефтеносных и ряда других культур. В 2002 году отдел получил свое современное название.

Огромный вклад в создание коллекции отдела внес Н. И. Вавилов, экспедициями которого доставлено значительное количество образцов различных культур, в т. ч. 2,5 тыс. образцов льна из труднодоступных высокогорных районов Юго-Восточной и Восточной Азии, Эфиопии, Средиземноморья и других регионов. До сих пор эти образцы являются наиболее ценной частью коллекции по генетическому разнообразию и приспособленности к различным экологическим условиям. Еще в предвоенные годы экспедициями под руководством П. М. Жуковского, С. М. Букасова, С. П. Юзепчука собраны длинно- и тонковолокнистые сорта хлопчатника из Южной Америки и Египета, крупносемянные льны из североафриканских стран, высокопродуктивные сорта конопли из Италии, Югославии и Китая; ценные образцы клещевины из Афганистана, Турции и Перу, кенафа из Индии и т. д.

В настоящее время коллекция отдела насчитывает в основном каталоге 26 741 образец, включает 184 вида, которые относятся к 40 родам, в т. ч.: 6251 льна, 2285 подсолнечника, 6414 хлопчатника, 3882 южных масличных культур (арахис, кунжут, сафлор), 1584 лубяных культур (конопли, джута, канатника, кенафа и др.), 2235 горчицы и таких культур, как рыжик, крамбе, индау, перилла, ляллеманция, чуфа, 1888 рапса и сурепицы, 1185 клещевины, 889 мака, 128 кок-сагыза, и образец стевии. Кроме этого, в интродукционном каталоге находится 3548 образцов.

Работа с коллекцией масличных и прядильных культур ведется на Кубанской, Екатерининской, Майкопской, Астраханской, Адлеровской, Дальневосточной, Волгоградской опытных станциях ВИР, а также на опорных пунктах при ВНИИЛ (г. Торжок), при ГУП ПОСС (г. Буденновск), Прикаспийском НИИАЗ (с. Соленое Займище). Поддерживается тесное сотрудничество с селекцентрами страны, в частности с ВНИИ масличных культур им. В.С. Пустовойта, ВНИИ льна, Ленинградским НИИСХ «Белогорка», ВНИИ кормов имени В.Р. Вильямса, ВНИИ рапса, Пензенским НИИСХ.

На основе исходного материала, выделенного из коллекции, созданы все отечественные сорта хлопчатника, конопли, масличного льна, клещевины, сафлора и арахиса, многие сорта льна-долгунца и рапса. Всего с использованием коллекции было выведено 118 сортов, а 34 созданы непосредственно сотрудниками отдела и станций.

В отделе изданы классические работы: Г. С. Зайцев – «Классификации рода *Gossypium*» (1927-1928 гг.) и «Хлопчатник» (1929); Т. Я. Серебрякова – «Конопля» (1929); И. А. Сизов – «Характеристика исходного материала конопли со стороны его селекционной ценности» (1935), «Конопля СССР» (1936), «Лен» (1955), «Культурная флора СССР» (т. 5), «Лубоволокнистые культуры» (1940) и «Масличные культуры» (1941); Ф. М. Мауер – «Происхождение и систематика хлопчатника» (1954); Д. В. Тер-Аванесян – «Опыление и наследственная изменчивость» (1957) и «Хлопчатник» (1973); Г. Г. Давидян – «Конопля» (1957). Современные ученые продолжают эту работу. Изданы «Генетика льна» (1998) С. Н. Кутузовой и «Генетика подсолнечника» (2002) В. А. Гавриловой. Коллективом отдела написана книга «Масличные культуры для пищевого использования. Проблемы селекции, сортимент» (1998), разработаны классификаторы, методические указания, каталоги-справочники. Результаты научных исследований публикуются в отечественных и зарубежных изданиях.

Для решения наиболее трудных проблем селекции за последние три года выделены 66 источников ценных признаков (раннеспелости, устойчивости к болезням и др.). Кроме того, ведется работа по созданию и изучению компонентов системы ЦМС-Rf для гетерозисной селекции подсолнечника, рапса и льна.



Рис. 1. Жуковский П.М. на ученом совете в коллекции льна (1956 г.)



Рис. 2. Ю. И. Карабицина и В. А. Гаврилова с корзинками подсолнечника (*Helianthus annuus* L.)



Рис. 3. Н. Б. Брач. Создание линий льна
(*Linum usitatissimum* L.)



Рис. 4. Е. А. Пороховинова. Индивидуальный фенологический учет растений льна

МИРОВЫЕ КОЛЛЕКЦИИ ГЕНЕТИЧЕСКИХ РЕСУРСОВ ЯЧМЕНЯ, ОВСА И РЖИ

И. Г. Лоскутов

Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова, Санкт-Петербург, Россия, i.loskutov@vir.nw.ru

GLOBAL COLLECTIONS OF GENETIC RESOURCES OF BARLEY, OATS AND RYE

I. G. Loskutov

N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources, St. Petersburg, Russia,
i.loskutov@vir.nw.ru

В отделе генетических ресурсов овса, ржи, ячменя сосредоточена мировая коллекция ячменя, овса и ржи. Коллекция местных российских ячменей, которую начали создавать с конца XIX в., послужила основой всех сборов Бюро по прикладной ботанике, а в дальнейшем основанием для создания мировой коллекции ВИР. Первый специалист и собиратель коллекции ячменя с 1900 г. был первый платный сотрудник, а с 1905 г. заведующий Бюро – Роберт Эдуардович Регель. Коллекция овса начала собираться в начале XX века специалистом по овсу Н. И. Литвиновым, который приступил к своим обязанностям с 1907 г. С момента организации Бюро по прикладной ботанике все работы по культурам вели отдельные специалисты, которые приглашались по мере увеличения финансирования. Только с 1922 г. в Отделе прикладной ботаники и селекции ГИОА была проведена реорганизация и было организовано ряд отделений. Одним из них было отделение хлебных злаков, куда вошли специалисты и коллекции по ячменю и овсу, и с этого времени начала формироваться коллекция ржи. Немаловажный вклад в формирование коллекций отдела внесли А. И. Мальцев, Н. И. Литвинов, Н. И. Вавилов, М. Ф. Петропавловский, А. А. Орлов, Ф. Х. Бахтеев, В. И. Антропов, В. Ф. Антропова, А. И. Мордвинкина, А. Я. Трофимовская, В. Д. Кобылянский и другие.

Основными задачами специалистов по культурам и в настоящее время отдела ВИР является: сбор всего ботанического, селекционного и генетического мирового разнообразия видов родов *Hordeum* L., *Avena* L. и *Secale* L.; комплексное изучение этого разнообразия силами различных отделов и филиалов ВИР с использованием возможностей коллег в России или в ведущих мировых научных центрах; гарантированное сохранение всего

разнообразия образцов коллекции в контролируемых условиях хранилищ ВИР; устойчивое использование выделенного исходного материала для селекции в ведущих селекцентрах РФ.

В результате сборов более чем векового периода в отделе сохраняются уникальные мировые видовые, сортовые ресурсы и дикие родичи овса, ржи, ячменя, собранные более чем в 90 странах мира. Коллекция отдела превышает 37 тыс. образцов: ячменя – 20 тыс. (24 вида), овса – 14 тыс. (26 видов), ржи – 3 тыс. (4 вида). На ее основе селекционерами страны создано свыше 200 сортов, из которых более 120 районированы в настоящее время.

Большинство работ отдела проводилось и проводится на поля Пушкинских лабораторий ВИР (ныне НПБ «Пушкинские и Павловские лаборатории ВИР») и на филиалах ВИР. Комплексные полевые работы по изучению коллекции проводятся сотрудниками отдела, а более углубленное изучение выделенных образцов коллекции проводится сотрудниками методических лабораторий Пушкинских лабораторий при активном участии сотрудников групп ячменя, овса и ржи. Современные исследования отдела продолжают развитие идей Н. И. Вавилова по проблемам эволюции, систематики и филогении овса, ржи, ячменя и развитию учения об исходном материале. Основные результаты исследований сотрудников отдела обобщены в томах второго издания «Культурной флоры»: «Рожь» (Кобылянским В. Д., Корзун А. Е., Катеровой А. Г., Лапиковым Н. С., 1989), «Ячмень» (Лукьяновой М. В., Трофимовской А. Я., Гудковой Г. Н., Терентьевой И. А., 1990), «Овес» (Родионовой Н. А., Солдатовым В. Н., Мережко В. Е., 1994), в монографиях: А. Я. Трофимовской «Ячмень» (1972), В. Д. Кобылянского «Рожь – генетические основы селекции» (1982), «Генетика культурных растений» (коллектив авторов, 1986 и 1988), И. Г. Лоскутова «Овес (*Avena L.*). Распространение, систематика, эволюция и селекционная ценность» (2007), в отдельных главах: Knupffer H., Terentyeva I., Hammer K., Kovaleva O., Sato K. «Ecogeographical diversity – a Vavilovian approach». In book: Diversity in Barley (*Hordeum vulgare*), Loskutov I.G., Rines H.W. «*Avena L.*» In: Kole C. (ed.) Wild Crop Relatives: Genomic & Breeding Resources. Vol. 1. Cereals и в многочисленных статьях, опубликованных как в России, так и за рубежом.

В настоящее время теоретические исследования отдела посвящены разработке генетических методов эффективности использования выделенного генофонда с выявлением закономерностей изменчивости и наследования важнейших селекционных признаков. Наряду с комплексным полевым изучением совместно с сотрудниками методических лабораторий Пушкинских лабораторий и ведущих научных центров РФ и мира изучается и выделяется ценный генофонд для решения актуальных проблем селекции в различных регионах нашей страны. За последние пять лет (2017–2021 гг.) выделено 573 источника важнейших селекционных признаков и создано 20 доноров короткостебельности, устойчивости к болезням и низкого содержания водорастворимых пентозанов.

На основании научных разработок и выделенного или созданного исходного материала в отделе успешно решаются проблемы устойчивости ячменя и овса к важнейшим заболеваниям (совместно с отделом генетики и лабораторией иммунитета), короткостебельности, скороспелости, фотопериодической чувствительности, засухо- и солеустойчивости (совместно с отделом физиологии), качества зерна (по составу белка, лизина, жира, отдельных жирных кислот, крахмала, антиоксидантов и т. д.), использования молекулярных маркеров и метаболомного анализа (совместно с отделом биохимии и молекулярной биологии) и зерновой продуктивности в селекции ячменя и овса.

В отделе созданы и изучаются генетические коллекции образцов с идентифицированными генами по широкому кругу хозяйственно ценных признаков. С использованием новых генов короткостебельности, ЦМС и устойчивости к болезням ржи решена проблема полегания и разработаны новые направления селекции этой культуры на устойчивость к болезням, зимостойкость, а также селекции гибридной ржи на основе ЦМС. Работы по созданию озимой ржи с низким содержанием пентозанов в зерне стали основой

для создания практически новой зерновой культуры для комбикормовой и хлебопекарной промышленности. Весь выделенный и созданный в отделе материал передается в селекцентры Российской Федерации для использования в селекционном процессе по овсу, ржи и ячменю. Научные сотрудники отдела являются авторами 35 коммерческих сортов: 10 сортов ячменя, 13 – овса, 12 – озимой ржи.

Сотрудниками отдела подготовлено большое количество докторов и кандидатов наук, которые работают в различных учреждениях России и в странах СНГ. В настоящее время в отделе работают три доктора наук и девять кандидатов наук, которые успешно решают задачи по выполнению государственного задания, а также участвуют в проектах, финансируемых различными научными фондами.

МНОГОЛЕТНИЕ КОРМОВЫЕ КУЛЬТУРЫ В КОЛЛЕКЦИИ ВИР

Л. Л. Малышев

Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова, Санкт-Петербург, Россия, l.malyshev@vir.nw.ru

PERENNIAL FODDER CROPS IN THE COLLECTION OF VIR

L. L. Malyshev

N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources, St. Petersburg, Russia,
l.malyshev @vir.nw.ru

Работа с кормовыми культурами началась Бюро прикладной ботаники в 1912–1913 гг. Структурно оформлено данное направление работ было в 1916 году как Подотдел луговых и прочих растений Бюро по прикладной ботанике, руководителем которого стал Владимир Александрович Кузнецов (1877–1940). В дальнейшем подотдел был преобразован в «Секцию луговых и кормовых культур» Отдела прикладной ботаники, а с 1921 – в Отдел луговых и кормовых трав Института Прикладной ботаники и новых культур.

В 1922 г. было начато масштабное изучение кормовых культур на питомниках в Детском Селе. Также, начиная с 1922 г., был проведен ряд экспедиций по сбору семян многолетних кормовых культур: по Архангельской области, Пермскому краю, в заповеднике «каменная степь» и др. Николай Иванович Вавилов активно участвовал в работе отдела. С его именем связана мобилизация богатейших генетических ресурсов местных сортов люцерны в Хорезмском оазисе и Семиречье. Много образцов кормовых бобовых и злаков собрано им в зарубежных экспедициях, особенно на территории Средиземноморского центра происхождения культурных растений.

Руководителями отдела в различные годы являлись В. А. Кузнецов, Е. Н. Синская (дважды), Н. Г. Хорошайлов, П. А. Лубенец, А. И. Иванов. В отделе работали такие выдающиеся ученые как М. А. Шебалина, В. В. Суворов, М. С. Коликов, А. Г. Гаель и др.

За годы работы отдела были обследованы территории Северо-Запада европейской части бывшего СССР, Алтайского края, республики Якутия и Забайкальского края, Северного Кавказа, Казахстана и Средней Азии. Всего в коллекцию было привлечено около 60 тысяч образцов различных кормовых культур. Были созданы уникальные коллекции местных сортов люцерны и клевера с территории бывшего СССР, аридных злаков, аридных культур из сем. *Chenopodiaceae* (ныне поддерживаются на Приаральской опытной станции генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова, Казахстан), новых силосных культур. По итогам изучения коллекции выпущены тома «Культурной флоры СССР» (*Medicago*,

Trifolium, Melilotus), монографии (рода *Agropyron, Calligonum, Kochia, Krascheninnikovia*) и каталоги коллекции ВИР.

В 1989 г. деятельность постоянно действующих экспедиций ВИР была свернута. Проводились отдельные экспедиции на основе договоров о международном сотрудничестве и по грантам. Плановое экспедиционное обследование территории Российской Федерации возобновилось в 2006 г. В течение двенадцати лет (2006–2017) сотрудниками отдела были проведены экспедиции по территории Северо-Востока европейской части РФ (Архангельская и Вологодская области), Южного и Среднего Урала, Центра европейской части РФ (Малышев и др., 2019), Северного Кавказа (Дзюбенко и др., 2014), Алтая и Дальнего Востока. Всего за 2006–2017 гг. в коллекцию было привлечено около 2000 образцов многолетних кормовых культур.

В настоящее время коллекция многолетних кормовых культур насчитывает 31 785 образцов, из них 25 468 образцов в постоянном и 6317 образцов во временном каталогах. Коллекция многолетних кормовых бобовых состоит из 16 646 образцов (отдел ГР зернобобовых культур). Коллекции многолетних кормовых злаков (14 467 образцов) и малораспространенных, силосных и аридных культур (672 образца) хранятся в группе многолетних кормовых злаков отдела ГР овса, ржи, ячменя. Коллекция отличается высоким таксономическим разнообразием – 14 семейств, 61 род и 620 видов, из них 52 – только во временном каталоге.

Поддержание коллекции проводится на восьми станциях, из них на четырех ведется и изучение коллекции. Изучаются коллекции люцерны посевной, серповидной и хмелевидной, козлятника (Павловские лаборатории ВИР), донника (Кубанская ОС ВИР), верховых и низовых злаков (Павловские лаборатории ВИР, Полярная ОС ВИР), ксеромезофитных и аридных злаков (Екатерининская ОС ВИР).

БАЗЫ ДАННЫХ ГЕНЕТИЧЕСКИХ РЕСУРСОВ РАСТЕНИЙ И ИХ АНАЛИЗ В ОТДЕЛЕ АВТОМАТИЗИРОВАННЫХ ИНФОРМАЦИОННЫХ СИСТЕМ ВИР

Л. Ю. Новикова

Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова, Санкт-Петербург, Россия, l.novikova@vir.nw.ru

PGR DATABASES AND THEIR ANALYSIS AT THE DEPARTMENT OF AUTOMATED INFORMATION SYSTEMS OF VIR

L. Yu. Novikova

N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources, St. Petersburg, Russia,
l.novikova@vir.nw.ru

Устойчивость развития экономики страны требует реализации мер государственного регулирования для преодоления сокращения национальных генетических ресурсов животных и растений и обеспечения продовольственной безопасности (Доктрина продовольственной безопасности РФ, 2020 г.). В современном мире базы данных генетических ресурсов растений (ГРР) являются необходимым условием эффективности использования коллекции для задач селекции, оптимизации сортимента в меняющихся социально-экономических и климатических условиях. ВИР, как держатель крупнейшей в России коллекции культурных растений, выполняет роль координатора сохранения и использования ГРР в стране. В Указе Президента РФ от 08.02.2022 № 44 «О национальном центре генетических ресурсов растений» одной из функций

Национального центра, образуемого на базе ВИР, является создание и развитие центра хранения и обработки информации о генетических ресурсах растений.

В мировом информационном пространстве реализуются множество агрегаторов баз данных генетических ресурсов растений. Крупными международными агрегаторами являются проекты GRIN-Global (<https://www.grin-global.org>), Genesys (<https://www.genesys-pgr.org>), Global Biodiversity Information Facility (<https://www.gbif.org>); на европейском уровне коллектором баз данных ГРП выступает проект EURISCO (<https://eurisco.pgr.org>). В ВИР создана паспортная база данных сохраняемых в ВИР мировой коллекции культурных растений, что позволило представить ее в мировых базах, в частности в EURISCO.

Общеинститутская паспортная база ГРП ВИР была создана в отделе автоматизированных информационных систем генетических ресурсов растений ВИР (АИС, ранее ИТО). Отдел является наследником основанной в 1971 г. группы методики и применения математических методов по разработке информационной системы для мировой коллекции ВИР, задачей которой была разработка дескрипторов баз данных ГРП как для СССР, так для стран СЭВ, создание базы данных ГРП, обеспечение публичного доступа к базам путем размещения на сайте ВИР.

Первая паспортная база ГРП ВИР была собрана и размещена в открытом доступе в 2003–2006 гг. В 2012 г. был разработан сайт с возможностью редактирования паспортной информации ГРП on-line. В настоящий момент паспортная база ГРП ВИР, размещенная на сервере ВИР (<http://db.vir.nw.ru/virdb/maindb>) содержит информацию о 243 829 образцах основного каталога. База построена в соответствии с международным единым паспортным дескриптором растений для совместимости с международными базами, но имеет несколько расширенную систему словарей и справочников. В настоящий момент идет развитие функционала сервиса, создание интегрированной Дата Платформы для консолидации данных распределенной сетевой коллекции, в том числе и разных организаций.

Кроме актуализации и модернизации паспортных баз, в ВИР развиваются методы анализа плохо структурированных описательных и оценочных баз данных. Разработана ИПС Гербарий ВИР (<http://db.vir.nw.ru/herbar/gerbs>), компьютерная программа для сбора оценочных данных ГРП VTS (свидетельство о государственной регистрации № 2019664805), при активном участии ВИР был создан ресурс Агроатлас (<http://www.agroatlas.ru>), содержащий карты ареалов экономически значимых растений, их болезней, вредителей и сорных растений.

Использование созданных информационных ресурсов и разработанного в ВИР программного обеспечения позволяет осуществлять оценку взаимодействия генотип × среда. В базах ВИР накоплен огромный фактический материал наблюдений за хозяйственно ценными признаками сельскохозяйственных культур на станциях опытной сети ВИР, а также сопряженных агрометеорологических показателей. Исследования агрометеорологических и агроклиматических закономерностей особенно актуальны в условиях изменения климата, регистрируемых с 1970-х гг. на всех филиалах – опытных станциях ВИР. Создан оригинальный комплекс математических моделей хозяйственно ценных признаков основных сельскохозяйственных культур с использованием современных методов анализа временных рядов, позволяющий эффективно прогнозировать последствия изменения климата для продукционного процесса сельскохозяйственных культур. Исследования ВИР подтверждают, что современные изменения климата формируют новый природно-ресурсный потенциал России. Рост температуры, дестабилизация режима увлажнения требуют принятия мер по адаптации сортимента, рассмотрения возможностей сортов и культур из более южных регионов, продвижения зон возделывания культур на север.

Накопленные в ВИР огромные информационные ресурсы, их программное обеспечение и анализ позволяют наметить направления адаптации сортимента для рационального использования природно-ресурсного и продукционного потенциала РФ.

ОТДЕЛ ИНТРОДУКЦИИ

Т. М. Озерская

Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова, Санкт-Петербург, Россия, t.ozerskaya@vir.nw.ru

PLANT INTRODUCTION DEPARTMENT

T. M. Ozerskaya

N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources, St. Petersburg, Russia,
t.ozerskaya@vir.nw.ru

Весь поступающий в ВИР растительный материал начинает свой путь в коллекцию в отделе интродукции. Здесь каждому новому образцу присваивается номер интродукции с регистрацией в интродукционном журнале и базе данных. Сквозная нумерация образцов ведется с 1925 года. Сотрудники отдела тесно взаимодействуют с Отделом карантина растений Ленинградской МВЛ, специалисты которого проверяют каждый образец, предотвращая занесение в коллекцию ВИР патогенных организмов и семян сорных растений. Этой же цели служит и последующее распределение растительных образцов, полученных из-за рубежа, для посева на интродукционно-карантинных питомниках опытных станций института. Только после получения здоровой репродукции и предварительной оценки биолого-хозяйственных признаков образец передается в ресурсный отдел для дальнейшего изучения и включения в коллекцию. В отделе интродукции хранятся сопроводительные документы к полученному растительному материалу, ежегодные отчеты интродукционно-карантинных питомников, отчеты сотрудников об экспедициях ВИР по сбору образцов для коллекции, интродукционные журналы. Содержащаяся в них информация важна при паспортизации коллекционных образцов, при планировании проведения экспедиционных обследований и сборов образцов для пополнения коллекции.

Отделом руководили в разные годы А. К. Коль (1924–1931 гг.), П. М. Жуковский (1931 г.), Г. Н. Шлыков (1931–1942 гг.), Т. Н. Шевчук (1948–1965 гг.), Д. В. Тер-Аванесян (1966–1968 гг.), К. З. Будин (1968–1975 гг.), Э. Т. Мещеров (1975–1986 гг.), С. Н. Бахарева (1986–1992 гг.), Л. Е. Горбатенко (1992–2000 гг.), Л. В. Багмет (2000–2001 гг.), В. Г. Фунтова (2002–2004 гг.), Т. М. Озерская (с 2004 по настоящее время).

В структуре института отдел был выделен в 1925 году и назывался отделом Информации и интродукции. Основной задачей являлся сбор во всех странах сведений о возможных местонахождениях ценных новых растений (как культурных, так и диких родичей) и их привлечение для полевой, садово-огородной и лесной культуры СССР.

В настоящее время принципы пополнения генофонда стали иными: если раньше ставилась задача включить в коллекцию как можно большее разнообразие видов, культур, сейчас основной акцент поставлен на сбор ботанических форм и сортов, отсутствующих в коллекции, мобилизацию источников ценных селекционных признаков и доноров важнейших генов, привлечение максимально возможного фенотипического и генотипического разнообразия всех собираемых видов. В настоящее время основным методом для привлечения в коллекцию института нового материала является проведение экспедиций по сбору семян и посадочного материала на территории России и зарубежья. Другой не менее важный источник пополнения коллекции – систематический обмен семенами и посадочным материалом с научными учреждениями, семенными фирмами и отдельными учеными России и зарубежных стран.

Ежегодно в результате экспедиций, выписки, а также в рамках научного сотрудничества в коллекцию института поступает 2–4 тысячи новых образцов. За 125 лет существования института было осуществлено свыше 400 зарубежных экспедиций в более

чем 100 стран, около 1200 экспедиционных обследований проведено на территории нашей страны. За время работы института было привлечено около 800 тысяч образцов культурных растений и их диких родичей.

По результатам анализа интродукционной работы сотрудниками отдела издан ряд работ, среди которых: «Растительные ресурсы Западной и Центральной Африки» С. Н. Бахарева (Бахарева, 1988), «Растительные ресурсы Средней Азии» (Растительные ресурсы..., 1990), «Виды картофеля Южной Америки: (экология, география, интродукция, систематика, селекционная значимость)» Л. Е. Горбатенко (Горбатенко, 2006), а также издания серии «Каталог мировой коллекции ВИР»: «Сельскохозяйственные растения и их сородичи Северной Америки» Ю. Н. Щербакова (Каталог мировой..., 1990а), «Южноамериканские виды картофеля» (Каталог мировой..., 1990b), «Виды полезных растений России и других стран СНГ» (Каталог мировой..., 1995).

Список литературы

1. Бахарева С.Н. Растительные ресурсы Западной и Центральной Африки / ответственный редактор Н.Н. Цвелев. Ленинград: Наука, Ленинградское отделение, 1988. 236 с.
2. Горбатенко Л.Е. Виды картофеля Южной Америки = Potato species of South America: (экология, география, интродукция, систематика, селекционная значимость). Санкт-Петербург: ВИР, 2006. 456 с.
3. Каталог мировой коллекции ВИР. Вып. 519. Сельскохозяйственные растения и их сородичи Северной Америки / составитель Ю.Н. Щербаков ; под редакцией С.И. Бахарева. Ленинград: ВИР, 1990а. 333 с.
4. Каталог мировой коллекции ВИР. Вып. 569. Южноамериканские виды картофеля (секция *Petota* Dumort. рода *Solanum* L.) / составитель Л.Е. Горбатенко ; под редакцией С.Н. Бахарева. Ленинград: ВИР, 1990b. 398 с.
5. Каталог мировой коллекции ВИР. Вып. 675. Виды полезных растений России и других стран СНГ / составители: С.Н. Бахарева, Н.М. Зотеева, К.А. Кобылянская ; под редакцией: Л.Е. Горбатенко, С.Н. Бахарева. Санкт-Петербург: ВИР, 1995. 264 с.
6. Растительные ресурсы Средней Азии / [К.А. Кобылянская, В.П. Горбунов, Ф.Т. Цангас и др.] ; ответственный редактор Ю.А. Косов. Ташкент: Фан, 1990. 77 с.

ГЕНЕТИЧЕСКИЕ ИССЛЕДОВАНИЯ В ПУШКИНСКИХ ЛАБОРАТОРИЯХ ВИР

Е. Е. Радченко*, И. Н. Анисимова

Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова, Санкт-Петербург, Россия, *eugene_radchenko@rambler.ru

GENETIC STUDIES IN PUSHKIN LABORATORIES OF VIR

E. E. Radchenko*, I. N. Anisimova

N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources, St. Petersburg, Russia, *eugene_radchenko@rambler.ru

Отдел генетики организован в 1925 году. Первым заведующим по приглашению Н. И. Вавилова стал Г. Д. Карпеченко. В нашей стране определилось качественно новое направление генетических исследований – монографическое изучение отдельных признаков и свойств культурных растений, а также гибридов от скрещиваний филогенетически отдаленных видов. Проводимые в отделе исследования направлены на

раскрытие генетического потенциала разнообразия генетических ресурсов культурных растений и их диких родичей по важнейшим биологическим и агрономическим признакам. Главный подход – сравнительно-генетический, в основе которого концепция Н. И. Вавилова о параллелизме наследственной изменчивости. В исследованиях используются методы фенотипического, гибридологического, популяционного, цитогенетического и молекулярно-генетического анализа. К основным направлениям исследований относятся: 1) разработка рациональных путей поиска селекционно-ценных генотипов сельскохозяйственных культур; 2) идентификация генов и полигенных комплексов, детерминирующих онтогенез растений, устойчивость к биотическим и абиотическим стрессам, а также признаки, определяющие качество; 3) исследование механизмов интрогрессии при гибридизации видов культурных растений с их дикими родичами; установление генетических основ рекомбинационных процессов растений; 4) изучение механизмов взаимодействия растение – среда и растение – вредный организм; 5) создание новых селекционно-ценных рекомбинантов и доноров с идентифицированным генетическим материалом.

Устойчивость к биотическим и абиотическим стрессорам, а также способность накапливать запасные вещества относятся к числу ключевых признаков культурных растений, играющих стратегическую роль в обеспечении продовольственной безопасности. Иммунологический скрининг генетических ресурсов растений, поиск генов и полигенных комплексов, отвечающих за устойчивость растений к вредным организмам – важное направление работы отдела генетики ВИР, становление которого самым тесным образом связано с именем Н.И. Вавилова. Он создал учение об иммунитете растений, установил законы естественного иммунитета, заложил основы современной генетики устойчивости, разработал теоретические аспекты селекции сельскохозяйственных культур на устойчивость к болезням и вредителям. Иммунологический скрининг генетических ресурсов культурных растений и их диких родичей, результаты исследования взаимодействия вредных организмов с растениями-хозяевами свидетельствуют о несомненной актуальности всех положений «...эволюционной, или генетической в широком смысле, теории естественного иммунитета». Особенность генетического контроля устойчивости растений к болезням и вредителям – взаимодействие двух сопряженно эволюционирующих систем. Рациональная стратегия селекции сельскохозяйственных культур на устойчивость к вредным организмам должна предусматривать, прежде всего, расширение генетического разнообразия возделываемых сортов. В результате изучения сотрудниками отдела за последние 5 лет 18 300 образцов коллекции ВИР выделено 493 источника устойчивости различных культур к опасным возбудителям болезней и вредителям; с помощью гибридологического анализа и молекулярных маркеров исследован генетический контроль устойчивости к вредным организмам у образцов зерновых культур, подсолнечника и картофеля; созданы новые доноры пшеницы, ячменя, сорго, картофеля, защищенные эффективными генами резистентности. Исследуется генетический контроль и таких адаптивно ценных признаков растений, как продолжительность отдельных этапов онтогенеза, устойчивость к токсичным ионам алюминия. Созданы доноры устойчивости ячменя к повышенной кислотности почвы, ультраскороспелые рекомбинантные линии мягкой пшеницы.

Выполнен цикл исследований по генетике запасных белков семян подсолнечника как ассоциированных с доместикацией признаков: изучена их изменчивость; определен генетический контроль компонентов электрофоретического спектра гелиантинина; изучен полиморфизм нуклеотидной последовательности гена богатого метионином альбумина SFA8 и впервые выявлена мутация, приводящая к изменению изоэлектрической точки белка.

Результаты работ по подбору и модификации способов выделения ДНК из различных растительных объектов, оптимизации методов молекулярно-генетического анализа послужили основой для молекулярного скрининга коллекций генетических

ресурсов, идентификации образцов – носителей хозяйственно ценных генов. Выполнены исследования структурно-функциональной организации генов восстановления (*Rf*) фертильности пыльцы подсолнечника, сорго и картофеля – ключевого признака в селекции гибридов на основе цитоплазматической мужской стерильности (ЦМС). С привлечением методов молекулярно-генетического и гибридологического анализов получены значимые для практики результаты: созданы линии подсолнечника – доноры генов *Rf* и устойчивости к ложной мучнистой росе; определена диагностическая ценность молекулярных маркеров ряда хозяйственно полезных генов подсолнечника, ячменя, сорго; созданы системы маркеров, перспективные для исследований биоресурсных коллекций и использования в маркер-опосредованной селекции. С использованием молекулярных маркеров структурировано разнообразие коллекций генетических ресурсов подсолнечника, сорго, ячменя. С помощью полиморфных ДНК-маркеров и электрофоретического анализа запасных белков семян изучены особенности структурно-функциональной реорганизации и выявлена нестабильность генома подсолнечника в потомствах от скрещиваний культурного подсолнечника *Helianthus annuus* с однолетними и многолетними видами рода *Helianthus*.



ОТДЕЛ ГЕНЕТИЧЕСКИХ РЕСУРСОВ КАРТОФЕЛЯ

Е. В. Рогозина

Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова, Санкт-Петербург, Россия, erogozina@vir.nw.ru

DEPARTMENT OF POTATO GENETIC RESOURCES

E. V. Rogozina

N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources, St. Petersburg, Russia, erogozina@vir.nw.ru

Отдел генетических ресурсов картофеля (до 1 декабря 2002 г. отдел клубнеплодов ВИР) обеспечивает сохранение и изучение единственной в РФ и одной из крупнейших в мире коллекций картофеля и родственных клубнеобразующих видов рода *Solanum* L. Первым руководителем отдела был ближайший соратник Н. И. Вавилова, выдающийся соланолог Сергей Михайлович Букасов – один из первооткрывателей (вместе с С. В. Юзепчуком) разнообразия культурных видов и форм картофеля в Южной Америке, академик ВАСХНИЛ, Герой Социалистического Труда. Формирование коллекции картофеля и родственных видов началось после поступления первых экспедиционных сборов в 1925–1926 гг. из Центральной и Южной Америки. Обширный материал диких видов и местных культурных образцов картофеля доставили в ВИР экспедиции Н. И. Вавилова, П. М. Жуковского, А. Г. Зыкина, К. З. Будина, Л. Е. Горбатенко. Состав коллекции пополнялся в результате обмена с другими мировыми коллекциями картофеля (США, Германии, Перу), поступлений от селекционеров, из крупнейших научных центров. В настоящее время коллекция генетических ресурсов картофеля ВИР насчитывает более 7400 образцов, представляющих все группы генофонда: сорта, селекционные клоны, дикие, культурные виды и аборигенные формы картофеля.

Изучение образцов картофеля было начато с момента формирования коллекции. Клубневая часть коллекции выращивалась на Павловской опытной станции и в Пушкине. Под руководством С. М. Букасова сотрудники отдела (О. А. Воскресенская, В. С. Лехнович, Л. И. Костина, Н. Ф. Бавыко, Е. В. Морозова, Л. М. Турулева) провели работу по морфологическому описанию поступавших в коллекцию образцов картофеля, классификации селекционных сортов и аборигенных картофелей Чили и Южной Америки; исследования в области систематики и установления филогенетических связей между дикими и культурными видами картофеля. Огромный вклад в изучение разнообразия коллекции картофеля ВИР сделал А. Я. Камераз – один из пионеров использования метода межвидовой гибридизации картофеля в нашей стране, автор сортов ‘Камераз 1’, ‘Детскосельский’ и др. Аспиранты и ученики А. Я. Камеразы: Н. А. Житлова, И. И. Киселев, Е. П. Киселев, И. И. Антонов, Л. Г. Чаадаева, Э. В. Трускинов, А. Э. Калнозолс, И. Я. Понин, В. В. Олефир, Л. Н. Трофимец успешно занимались исследованием устойчивости картофеля к фитофторозу, вирусным болезням, нематодам. Созданные А. Я. Камеразом и его школой гибриды были использованы как исходный материал для селекции картофеля в разных регионах нашей страны, Белоруссии, Казахстане, Эстонии.

В 70-х годах прошлого века в отделе клубнеплодов метод культуры апикальных меристем был эффективно использован для освобождения от мозаичных вирусов несколько сотен коллекционных образцов картофеля, что положило начало формированию *in vitro* коллекции картофеля. В это же время под руководством академика К. З. Будина были начаты исследования по созданию дигаплоидов и вовлечению в селекцию диплоидных диких и культурных видов картофеля, а также генеративному размножению картофеля (ботаническими семенами).

Коллекция картофеля ВИР и результаты ее изучения всегда представляли большой интерес для международной научной общественности. Сотрудники отдела участвовали в выполнении международных проектов “The Cornell-Eastern Europe-Mexico (CEEM) International Collaborative Project in Potato Late Blight Control” в 1996–2005 гг., “Enhanced Control of Potato Mop-Top virus in the Nordic and Baltic Sea Region” в 2005–2008 гг., ISTC-USDA-ARS № 3714 “DNA markers of potato genes for late blight resistance” в 2007–2013 гг. Плодотворное сотрудничество в проведении фундаментальных и прикладных исследований с культурой картофеля существует между отделом генетических ресурсов картофеля и лабораторией иммунитета растений к болезням ВИЗР (заведующий лабораторией – доктор биологических наук, академик РАН, Афанасенко Ольга Сильвестровна), лабораторией ДНК маркеров растений ВНИИСБ (заведующий лабораторией – д.б.н., профессор Хавкин Эмиль Ефимович), отделом болезней картофеля и овощных культур ВНИИФ (заведующий отделом – к.б.н. Кузнецова Мария Алексеевна). Сотрудники отдела ГР картофеля являются исполнителями и руководителями исследований, поддержанных грантами РФФИ и РНФ с 2016 г по настоящее время.



**Сотрудники отдела ГР картофеля:
К. З. Будин, С. Д. Киру**



С учеными картофелеводами. Слева направо: С. Д. Киру (1), Е. В. Rogozina (4), Э. В. Трускинов (5)

ГЕНЕТИЧЕСКИЕ РЕСУРСЫ ПЛОДОВЫХ КУЛЬТУР ВИР: СБОР, СОХРАНЕНИЕ И ИЗУЧЕНИЕ

Н. Г. Тихонова

Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова, Санкт-Петербург, Россия, n.g.tikhonova@vir.nw.ru

FRUIT CROP GENETIC RESOURCES OF VIR: COLLECTION, CONSERVATION AND STUDY

N. G. Tikhonova

N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources, St. Petersburg, Russia,
n.g.tikhonova@vir.nw.ru

«Отдел плодоводства, огородничества и специальных культур» был организован по инициативе Н. И. Вавилова в 1925 году. Уже в 1926 году на северной экспериментальной базе ВИР «Красный Пахарь» сотрудники отдела начали закладку коллекций семечковых культур (яблоня и груша), косточковых (слива, вишня, черемуха) и ягодных культуры (земляника, смородина, крыжовник и малина). К 1933 году коллекция яблони насчитывала 148 образцов, сливы – 57 сортов, вишни и черешни – 18, всего же коллекция плодовых и ягодных культур к 1935 году численность составила 1759 образцов. К 2021 году коллекция НПБ «Пушкинские и Павловские лаборатории ВИР» насчитывает уже 4695 образцов, и включает в себя одну из крупнейших коллекций ягодных культур: смородины черной и красной – 957 образцов, крыжовника – 242 образца, жимолости – 244 образца. Здесь же с 2018 года формируется коллекция самого северного винограда – 43 образца. Коллекция плодовых и ягодных культур представлена 101 видом, относящихся к 18 родам и межвидовыми гибридами. На ряду с Павловской опытной станцией в 20–30-х годах прошлого столетия была создана сеть опытных станций в различных климатических условиях: в Мурманской области (Поляная, 1923 г.) Средней Азии (Ташкент, 1924 г.), Туркмении (Кара-Кала, 1927 г.), Приморском крае (Дальневосточная, 1929 г.), Адыгеи (Майкопская, Шунтук, 1930 г.), Волгоградская (Краснослободск, 1932 г.) и Крыму (Крымская помологическая, Бахчисарай, 1937 г.). Позднее были присоединены Крымская опытно-селекционная станция (Краснодарский край, 1958 г.). Обширная географическая сеть опытных станций позволила заложить коллекции плодовых, ягодных, орехоплодных, цитрусовых и южных субтропических культур в оптимальных, для культуры, климатических условиях. Сотрудниками отдела регулярно осуществлялись экспедиции как по различным регионам страны, так и в зарубежные страны, это и позволило сформировать богатейший генофонд плодовых, ягодных, орехоплодных и субтропических культур. До распада Советского Союза коллекция плодовых культур насчитывала 34 тыс. образцов. После 1991 года, часть опытных станций (Крымская помологическая, Туркменская, Сухумская и Среднеазиатский филиал), вместе с генетическими коллекциями плодовых культур отошли к другим государствам. Потеря южных станций негативно сказалась на возможность сохранения и поддержания сегмента субтропических культур и винограда. Генофонд этих культур значительно сократился. По данным 2021 года генофонд, сохраняемых на опытных станциях института, составил 19 258 образцов, в том числе семечковые культуры (яблоня, груша, айва, рябина, ирга) – 5966, косточковые культуры (слива, терн, алыча, вишня, черешня, абрикос, персик, черемуха) – 6446, ягодные (земляника, малина, ежевика, смородина черная и красная, крыжовник, жимолость, калина, актинидия) – 3400, орехоплодные – 108, декоративные – 1912 и виноград – 1367. В настоящее время коллекция плодовых, ягодных культур и винограда поддерживается на семи опытных станциях ВИР: Полярная (ягодные и декоративные культуры), Крымская ОСС (косточковые, семечковые, ягодные и виноград), Майкопская (семечковые,

косточковые, ягодные и орехоплодные), Волгоградская (семечковые), Дагестанская (виноград), Адлеровская (семечковые, ягодные, субтропические), Дальневосточная (виноград, косточковые и ягодные) и НПБ «Пушкинские и Павловские лаборатории ВИР (семечковые, косточковые, декоративные, ягодные и виноград). Собранный генофонд включает в себя ценный пул староместных сортов, источников и доноров ценных селекционно-хозяйственных признаков, дикорастущие родичи культурных растений, новые селекционные достижения. Отдельное место занимает коллекция декоративных культур, которая насчитывает 1912 образцов (413 – однолетние культуры и 1499 – многолетние). Коллекция сохраняется на Полярной опытной станции и НПБ «Пушкинские и Павловские лаборатории ВИР». Коллекция многолетних декоративных культур состоит из образцов луковичных культур (523 образца – 77 видов) и корневищных (976 образцов – 27 видов).



Рис. 1. Рябина Кене
Фото М. Н. Петровой



**Рис. 2. Груша сорта
'Благовещенская'**
Фото М. Н. Петровой



**Рис. 3. Смородина черная
'Бинар'**
Фото О. А. Тихоновой

В настоящее время пополнение коллекции плодовых, ягодных, декоративных культур и винограда осуществляется путем привлечения новым селекционным достижения, сбора староместных сортов и экспедиционным сборам. Ежегодно проводятся экспедиции в различные регионы нашей страны. За последние три года сотрудники отдела участвовали в экспедициях по Карельскому перешейку, Мурманской, Архангельской, Вологодской, Ростовской областях, Приморскому, Хабаровскому и Краснодарскому краю, республиках Адыгея, Крым и Дагестан. Было привлечено порядка 500 образцов, плодовых, ягодных и декоративных культур.

Основными направления изучения генофонда садовых культур включает предварительное изучение генофонда и выделение источников селекционно значимых признаков. За последние три года в комплексном, углубленном изучении участвовало 6249 образцов, в результате выявлено 351 источник ценных признаков: длительность периода покоя, крупноплодность, ранее созревание плодов, бессемянность и т. д.

Со времени создания и по сегодняшний день отдел генетических ресурсов плодовых культур собирает, сохраняет и изучает мировое разнообразие плодовых, ягодных, декоративных, орехоплодных, субтропических культур и винограда. Использование генофонда генетических ресурсов плодовых культур в различных селекционных программах, позволит обеспечить население страны разнообразным сортиментом качественных и полезных плодов и ягод.

Список литературы

1. Красный Пахарь: Северная экспериментальная база ВИР. Ленинград; Москва: Изд-во ВАСХНИЛ, 1935. 114 с.
2. Юшев А.А. Отделу генетических ресурсов плодовых культур ВИР 90 лет // Труды по прикладной ботанике, генетики и селекции. 2015. Т. 176, вып. 4. С. 370–380. DOI: 10.30901/2227-8834-2015-4-370-380

ГЕНОМНЫЕ И ПОСТГЕНОМНЫЕ ТЕХНОЛОГИИ В ИЗУЧЕНИИ ОБРАЗЦОВ ИЗ КОЛЛЕКЦИИ ВИР

Н. А. Швачко*¹, Е. А. Крылова¹, И. В. Розанова¹, Р. С. Рахмангулов¹,
А. С. Михайлова¹, Т. В. Семилет¹, Н. В. Смирнова^{1,2}, М. В. Соловьева¹,
А. В. Ульянов¹, А. В. Иноземцева¹, В. Н. Ихнова¹, Е. К. Хлесткина¹

¹Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова, Санкт-Петербург, Россия, *n.shvachko@vir.nw.ru

²Санкт-Петербургский государственный университет, Санкт-Петербург, Россия

GENOMIC AND POST-GENOME TECHNOLOGIES IN THE STUDY OF ACCESSIONS FROM THE VIR COLLECTION

N. A. Shvachko*¹, E. A. Krylova¹, I. V. Rozanova¹, R. S. Rakhmangulov¹,
A. S. Mikhailova¹, T. V. Semilet¹, N. V. Smirnova^{1,2}, M. V. Solovieva¹, A. V. Ulyanov¹,
A. V. Inozemtseva¹, V. N. Ikhnova¹, E. K. Khlestkina¹

¹N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources, St. Petersburg, Russia,

*n.shvachko@vir.nw.ru

²St. Petersburg State University, St. Petersburg, Russia

Коллекция генетических ресурсов растений ВИР служит стратегической базой эффективного стабильного развития сельского хозяйства и других отраслей экономики, связанных с производством продовольствия и непродовольственных товаров, базирующихся на сырье растительного происхождения. Создание лаборатории Постгеномных исследований в 2019 году, способствовало применению геномных и постгеномных методов анализа для изучения образцов коллекции ВИР. Научные исследования лаборатории направлены на выявление геномных районов, ассоциированных с контрастными проявлениями селекционно значимых свойств, определение метаболических путей и генных сетей, вовлеченных в формирование данных свойств, для дальнейшей разработки технологий селекции следующего поколения. Объектами исследования являются образцы из коллекции генетических ресурсов растений ВИР: зернобобовые (вигна, горох), зерновые (пшеница, рожь, ячмень, овес), технические культуры (хлопчатник), декоративные (бегония), бахчевые (арбуз), крупяные (кукуруза), плодовые (актинидия), овощные (свекла) и др. Исследования лаборатории являются, в свою очередь, частью проектов и грантов ВИР.

Коллективом лаборатории проводились исследования по выявлению новых генетических маркеров селекционно значимых свойств и новых аллельных вариантов хозяйственно ценных генов изучаемых культур. Так для вигны спаржевой идентифицированы и охарактеризованы гены, отвечающие за тип роста стебля: изучены *TFL1*-подобные гены (*Terminal Flower 1*) (Krylova et al., 2021), охарактеризованы *FT* и *HTA9* гены. Выделен и секвенирован транскриптом контрастных образцов вигны. Идентификация и характеристика генов, отвечающих за тип роста стебля, являются необходимым условием для успешной селекции современных сортов, пригодных для механизированного возделывания в условиях муссонного климата. Инициирована работа с выборкой скороспелых образцов ячменя из коллекции ВИР по экспресс-диагностике восприимчивых к яровизации. Экспресс-диагностика позволит в лабораторных условиях, выявить наличие озимых форм ячменя и, тем самым, уменьшить расходы на полевые испытания образцов и повысить конкурентоспособность отечественных сортов ячменя. В геноме хлопчатника выявлены и охарактеризованы копии генов, кодирующие транскрипционные факторы R2R3-MYB, bHLH-MYC и WD40, необходимые для активации синтеза флавоноидных пигментов проантоцианидинов, окисленная форма которых накапливается в вакуолях волокон и придает хлопковому волокну коричневатый/кремовый оттенок (Mikhailova et al.,

2019). Данное исследование способствует развитию области селекции, направленной на создание сортов хлопчатника с природноокрашенным волокном. Инициирована работа по выявлению и изучению генов, отвечающих за окраску цветка у красиво цветущих декоративных растений. Проводится изучение генов, отвечающих за окраску коры арбуза. Известно, что изменение окраски коры арбуза со светло-зеленой (пестрой и полосатой) на темно-зеленую контролируется геном-кандидатом, локализованным в хромосоме 8 арбуза, C1CG08G017810 (C1CGMenG). Данный ген кодирует белок 2-фитил-1,4-бета-нафтохинонметилтрансферазу, который участвует в биосинтезе хлорофилла. Нами были определены маркеры темно-зеленой окраски плодов арбуза на выборке образцов из коллекции ВИР. Маркеры C1CGMenG-CIS могут использоваться для ускоренного отбора образцов с темно-зеленой окраской коры плода. Проведен аллельный скрининг по ключевым известным генам биосинтеза бетанинов образцов свеклы из коллекции ВИР, контрастных по окраске корнеплода. Выбраны гены-мишени и образцы для дальнейшего редактирования. Полученные результаты позволят далее разработать конструкции для редактирования выбранных генов-мишеней, участвующих в биосинтезе бетанинов, для продолжения работ по созданию новых линий нетрансгенной столовой свеклы, отвечающих требованиям современной пищевой промышленности (Sokolova et al., 2022).

Наряду с секвенированием и транскриптомным анализом, другим способом выявления генов-кандидатов хозяйственно ценных признаков у изучаемых объектов является полногеномный анализ ассоциаций «генотип-фенотип» (GWAS). Для этой части работы использовали генотипированные при помощи SNP-чипа Illumina выборки из 200 образцов ярового ячменя и 200 образцов яровой пшеницы мягкой, а также данные трехгодичного фенотипирования данных выборок в полевых условиях. По результатам GWAS анализа были выявлены статистически значимые маркеры, ассоциированные с хозяйственно ценными признаками, такими как, колошение, масса 1000 зерен, устойчивость к стеблевой ржавчине и др (Rozanova et al., 2019). Исследования продолжаются, в текущем году запланировано изучение выборки из 200 образцов овса.

Результаты научных работ лаборатории являются технологической основой для ускоренной селекции с применением методов маркер-контролируемого отбора и получении растений с заданными свойствами.

Список литературы

1. Krylova E., Strygina K., Khlestkina E. Structural organization of *TFL1*-like genes in representatives of the tribe Phaseoleae DC. // Biological Communications. 2021. Vol. 66, No. 2. P. 85-108. DOI: 10.21638/spbu03.2021.201
2. Mikhailova A., Strygina K., Khlestkina E. The genes determining synthesis of pigments in cotton // Biological Communications. 2019. Vol. 64. No. 2. С. 133–145. DOI: 10.21638/spbu03.2019.205
3. Rozanova I.V., Lashina N.M., Mustafin Z.S., Gorobets S.A., Efimov V.M., Afanasenko O.S., Khlestkina E.K. SNPs associated with barley resistance to isolates of *Pyrenophora teres* f. *teres* // BMC Genomics. 2019. Vol. 20(S3). Article number: 292. DOI: 10.1186/s12864-019-5623-3
4. Sokolova D.V.; Shvachko N.A., Mikhailova A.S.; Popov V.S. Betalain Content and orphological Characteristics of Table Beet Accessions: Their Interplay with Abiotic Factors. Agronomy. 2022. Vol. 12, No. 5. Article number: 1033. DOI: 10.3390/agronomy12051033

ИЗДАНИЯ, ПОСВЯЩЕННЫЕ ИСТОРИИ ПУШКИНСКИХ ЛАБОРАТОРИЙ ВИР



Сборник трудов Пушкинских лабораторий Всесоюзного института растениеводства : (К 25-летию лабораторий). 1922–1947 / редакционная коллегия: И. Г. Эйхфельд, И. А. Сизов, П. Г. Чесноков, Т. Я. Зарубайло, В. И. Разумов ; Министерство сельского хозяйства СССР, ВАСХНИЛ, Всесоюзный институт растениеводства. Ленинград, 1949. 282 с. : табл., ил.



Труды по прикладной ботанике, генетике и селекции. Т. 33, вып. 1. Сборник Пушкинских лабораторий : (к 40-й годовщине Великой Октябрьской социалистической революции) / составитель сб. Н. П. Панченко ; ответственный редактор И. А. Сизов. Ленинград : ВИР, 1958. 317, [1] с. : табл., ил.



Пушкинские лаборатории ВИР (1922–2012) : сборник статей и воспоминаний, посвященных 90-летию Пушкинских лабораторий ВИР / составители: И. Н. Анисимова, М. А. Вишнякова, И. П. Гаврилюк, С. Е. Дунаева, И. А. Косарева, О. И. Кузнецова, О. П. Митрофанова, Л. И. Орел, Е. Е. Радченко, Э. В. Трускинов. Санкт-Петербург ; Пушкин : ВИР, 2012. 184, [1] с. : ил., портр.



Трускинов Э. В. Н. И. Вавилов – основатель Центральной селекционно-генетической станции Отдела прикладной ботаники и селекции. К 90-летию Пушкинских лабораторий ВИР // Вавиловский журнал генетики и селекции. 2012. Т. 16, № 3. С. 716–723.

URL: <https://vavilov.elpub.ru/jour/article/view/143/145> (дата обращения: 20.05.2022)



Марголис А. Д. Царскосельский коттедж: от великокняжеской усадьбы до вавиловской опытной станции / А. Д. Марголис, Э. В. Трускинов. Санкт-Петербург : Серебряный век, 2018. 107 с., [18] л. цв. ил., карты. (Прогулки по городу Пушкину).

АЛФАВИТНЫЙ УКАЗАТЕЛЬ АВТОРОВ

- Абдуллаев Р. А. 123
Авакян А. Э. 26
Айдаров А. Н. 186
Акимова Д. Е. 123
Алпатъева Н. В. 81
Анисимова И. Н. 222
Анисимова Н. В. 51
Антонова О. Ю. 85, 121, 130
Апанасова Н. В. 49
Артемьева А. М. 51, 162, 191
Афанасенко О. С. 167
Бабак О. Г. 51
Багмет Л. В. 194
Баймухаметова Э. А. 53, 106
Банкин М. П. 157
Башко Д. В. 87
Белов С. Н. 145
Беляченко Ю. А. 49
Бережная А. А. 158
Бережнева З. А. 53, 55
Беренсен Ф. А. 51
Борисенко Н. В. 142
Булатова Н. Ш. 28
Буренин В. И. 195
Бутовец Е. С. 146, 163
Вакула С. И. 111
Васина Е. А. 146, 163
Вишнякова А. В. 168
Вишнякова М. А. 34, 198
Волошко А. А. 66
Гавриленко Т. А. 29, 45, 70, 130, 201
Гайнуллина К. П. 57
Галимова А. А. 59
Ганич В. А. 108
Гараева Н. Ш. 117
Герашенков Г. А. 142
Гильмуллина Л. Ф. 119
Глаголева А. Ю. 61
Госенова О. Л. 49
Гриб С. И. 41
Григорьев Ю. Н. 125
Григорян М. Г. 43
Гультияева Е. И. 62
Гумерова Г. Р. 106
Гурина А. А. 64
Гусев Ю. С. 104
Гуторова О. В. 49, 104
Гучетль С. З. 66
Дементьев А. В. 100
Деревянникова М. В. 184
Джумаев К. У. 38
Должикова М. А. 68, 113
Домблидес А. С. 148
Домблидес Е. А. 93, 148, 150
Дрозд Е. В. 51
Дубовская А. Г. 214
Дунаева С. Е. 70, 201
Егоров С. А. 30
Еремин В. Г. 72, 74
Еремин Г. В. 72
Еремина О. В. 74
Ермолаев А. С. 150
Ермолаева Л. В. 76, 78
Ершова И. В. 79
Ессе С. А. 186
Ефимов В. М. 125
Ефремова О. С. 70
Ефремова Т. Т. 137, 152
Жукова И. М. 152
Жученко А. А. 126
Заварихина Е. А. 64, 81
Заикина Е. А. 83
Зайцев В. Г. 171
Зайцева И. Ю. 123
Заячковская Т. В. 154
Зубко О. Н. 156
Зуев Е. В. 205
Игошин А. В. 125
Иноземцева А. В. 229
Ихнова В. Н. 229
Камнев А. М. 70, 85
Канапин А. А. 157
Карлов А. В. 183
Кенжегулов О. А. 142
Кильчевский А. В. 51, 111
Киселева А. А. 158
Ковалева О. Н. 61, 97, 175
Козарь Е. В. 160
Козлов В. А. 87
Колесова М. А. 89
Конарев А. В. 209
Корнюхин Д. Л. 162
Косарева И. А. 211
Кошкин М. Н. 186
Крылова Е. А. 229
Крючков С. Н. 30
Куземкин И. А. 91
Кузьмин О. Г. 186
Кулаков Ю. В. 93
Кулешов А. С. 32
Кулуев А. Р. 95
Кулуев Б. Р. 53, 55, 57, 59, 83, 95, 106, 179
Кутузова С. Н. 214
Лашина Н. М. 167
Леонова И. Н. 158
Лоскутов И. Г. 216
Лукина К. А. 97
Лукьянчук Л. М. 146, 163
Лысенко Н. С. 89
Ляпунова О. А. 205
Макаренко С. А. 110
Мальшев Л. Л. 218
Мамадова Х. Р. 165
Мамедова С. М. 34

Маннапова Г. С. 99, 119
 Маркевич И. М. 36
 Матвеева С. В. 171
 Матыс И. С. 36, 41
 Мироненко Н. В. 167
 Миронова Т. М. 184
 Митрофанова О. П. 100, 121, 169, 205
 Михайлова А. С. 102, 229
 Михалькович И. А. 87
 Моисеева Е. М. 104
 Монахос С. Г. 156, 168
 Мусин Х. Г. 53, 55, 106
 Мутьева З. Ф. 115
 Наджодов Б. Б. 38
 Насырова Ф. Ю. 38
 Наумова Л. Г. 108
 Невоструева Е. Ю. 110
 Некрашевич Н. А. 51
 Новикова Л. Ю. 219
 Озерская Т. М. 221
 Орлова С. Ю. 70
 Орловская О. А. 111
 Павленко А. А. 68, 113
 Панин В. М. 142
 Пендинен Г. И. 169, 201
 Пискунова Т. М. 115
 Пожерукова В. Е. 186
 Пономарев С. Н. 99, 117, 119
 Пономарева М. Л. 99, 117, 119
 Попов В. С. 102
 Попова А. С. 171
 Поротников И. В. 97, 121
 Потоцкая И. В. 186
 Привалов Ф. И. 41
 Пюккенен В. П. 169
 Радченко Е. Е. 123, 222
 Рамазанова С. А. 124
 Рахмангулов Р. С. 229
 Рекославская Н. И. 173
 Рогозина Е. В. 81, 225
 Рожмина Т. А. 91, 126, 157
 Розанова И. В. 125, 177, 229
 Романенко А. К. 30
 Романова О. В. 128
 Румянцев С. Д. 57
 Русецкий Н. В. 87
 Рыбаков Д. Р. 130
 Савиченко В. Г. 124
 Сайфутдинова Д. Д. 99, 119
 Саликова А. В. (Кушнарера А. В.). 132
 Салина Е. А. 158
 Салеев Р. К. 173
 Самсонова А. А. 157
 Самсонова М. Г. 157
 Саргсян Г. Ж. 26
 Сарикян К. М. 43
 Сарсенова С. Х. 142
 Семанюк Т. В. 87
 Семенова Л. Г. 70
 Семилет Т. В. 175, 229
 Сивоплясов В. И. 74
 Синицына А. А. 168
 Смирнова Н. В. 229
 Смолькина Ю. В. 49
 Соколова Д. В. 102
 Соловьева М. В. 177, 229
 Соломенцева А. С. 30
 Солонкин А. В. 30
 Старухина А. О. 171
 Степанов В. А. 154
 Столбиков А. С. 173
 Тазетдинов Р. А. 106
 Таипова Р. М. 179
 Тихонова А. В. 135
 Тихонова Н. Г. 76, 227
 Тихонова О. А. 70
 Травина С. Н. 45
 Тукусер Я. П. 181
 Тырьшкин Л. Г. 89, 133
 Ульянов А. В. 183, 229
 Фатеев Д. А. 51
 Фирсова М. Р. 165
 Фомина Н. А. 45
 Хакимова А. Г. 100
 Хакулова М. Ю. 165
 Хатефов Э. Б. 165, 183
 Хлесткина Е. К. 61, 125, 229
 Хмелинская Т. В. 78
 Хотылева Л. В. 111
 Хютти А. В. 167
 Чашинский А. В. 87
 Челюстникова Т. А. 66
 Чемерис А. В. 95
 Чепинога И. С. 135
 Черемисин А. И. 130
 Чикида Н. Н. 205
 Чумаков В. Ф. 184
 Чумаков М. И. 104
 Чумакова В. В. 184
 Чуманова Е. В. 137, 152
 Чурсин А. С. 186
 Чухина И. Г. 194
 Шаманин В. П. 186
 Швачко Н. А. 102, 175, 177, 229
 Швец Д. Ю. 53
 Шепелев С. С. 186
 Шерстобитов В. В. 140
 Широкова А. В. 150
 Шоева О. Ю. 61
 Шумилина Д. В. 162
 Эльконин Л. А. 142
 Юдакова О. И. 49
 Яцевич К. К. 51, 111

научное электронное издание

Материалы
Всероссийской научно-практической конференции

**«ГЕНЕТИЧЕСКИЕ РЕСУРСЫ РАСТЕНИЙ
ДЛЯ ГЕНЕТИЧЕСКИХ ТЕХНОЛОГИЙ:
К 100-ЛЕТИЮ
ПУШКИНСКИХ ЛАБОРАТОРИЙ ВИР»**

г. Санкт-Петербург, 22–23 июня 2022 г.

Тезисы докладов

Печатается в авторской редакции

За объективность и достоверность представленных данных ответственность несут
авторы (соавторы) публикуемых тезисов

Подписано к использованию 20.09.2022 Объем издания 11,27 МБ Комплектация издания – 1 pdf файл

Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов
растений им. Н.И. Вавилова (ВИР)
Библиотечно-издательский отдел
190000, Санкт-Петербург, ул. Большая Морская, д. 42, 44

ISBN 978-5-907145-84-9



9 785907 145849