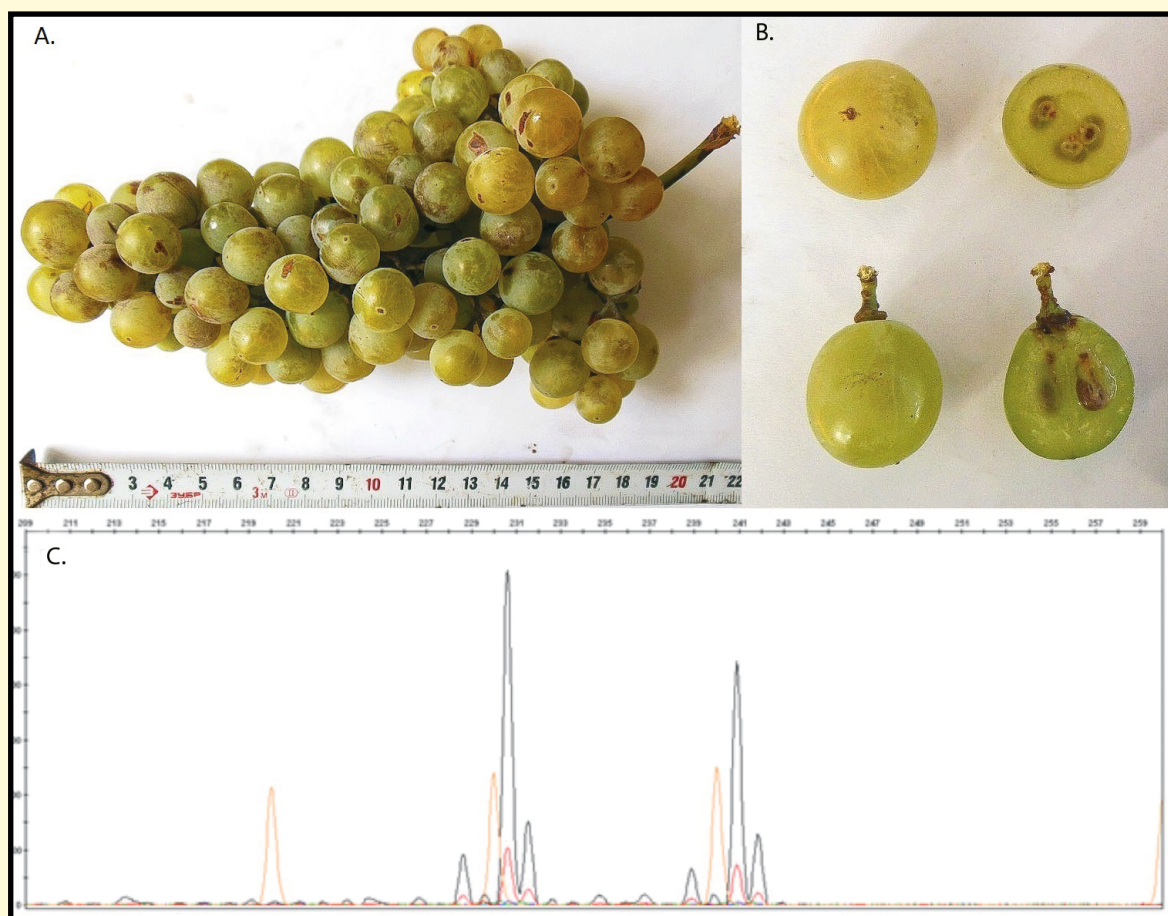


БИОТЕХНОЛОГИЯ И СЕЛЕКЦИЯ РАСТЕНИЙ

6(1), 2023



МИНИСТЕРСТВО НАУКИ И ВЫСШЕГО
ОБРАЗОВАНИЯ РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ
ФЕДЕРАЛЬНЫЙ ИССЛЕДОВАТЕЛЬСКИЙ ЦЕНТР
ВСЕРОССИЙСКИЙ ИНСТИТУТ ГЕНЕТИЧЕСКИХ
РЕСУРСОВ РАСТЕНИЙ ИМЕНИ Н.И. ВАВИЛОВА (ВИР)



THE 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)

НАУЧНЫЙ РЕЦЕНЗИРУЕМЫЙ ЖУРНАЛ

БИОТЕХНОЛОГИЯ И СЕЛЕКЦИЯ РАСТЕНИЙ

2023, 6(1)

ОСНОВАН В 2018 ГОДУ
ПЕРИОДИЧНОСТЬ 4 РАЗА В ГОД

*Для биотехнологов, селекционеров, генетиков,
преподавателей вузов биологического
и сельскохозяйственного профиля.*

e-mail: pbi@vir.nw.ru

190000 Россия, г. Санкт-Петербург,
ул. Б. Морская, 42, 44

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

DOI: 10.30901/2658-6266-2023-1
УДК: 573.6:631.527

ПИ № ФС 77–74475
ISSN: 2658-6266 (Print)
ISSN: 2658-6258 (Online)

На обложке:

Фото А. и В. Плоды винограда, сохраняемого под наименованием
дагестанского сорта 'Хатми'.

Фото С. Аллельный состав локуса VVMD5 (аллели 226:238). Сорт 'Хатми'.

Материалы к статье: Ильницкая Е.Т., Макаркина М.В., Казахмедов Р.Э., Кожевников Е.А.,
Козина Т.Д. Изучение генетических профилей растений винограда, сохраняемых под
наименованием дагестанского сорта 'Хатми'.

SCIENTIFIC PEER REVIEWED JOURNAL

PLANT BIOTECHNOLOGY AND BREEDING

2023, 6(1)

FOUNDED IN 2018
PUBLISHED 4 TIMES ANNUALLY

*Addressed to biotechnologists, geneticists,
plant breeders and lecturers of biological
and agricultural universities and colleges.*

e-mail: pbi@vir.nw.ru

42, 44 Bolshaya Morskaya Street,
St. Petersburg 190000, Russia

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

Cover photo:

Fig. A and B. Fruits of grape preserved under the name of Dagestan variety 'Khatmi'.
Fig. C. Allelic composition of the VVMD5 locus (alleles 226:238). 'Khatmi' variety.

Materials for the article: Il'nitskaya E.T., Makarkina M.V., Kazahmedov R.E., Kozhevnikov E.A., Kozina T.D.
A study of genetic profiles of grape plants preserved under the name of Dagestan variety 'Khatmi'.

Биотехнология и селекция растений

2023 Том 6 № 1

DOI: 10.30901/2658-6266-2022-3
<https://biosel.elpub.ru>

Научный рецензируемый журнал
Издается с 2018 г.

Издание зарегистрировано Федеральной службой по надзору в сфере связи,
информационных технологий и массовых коммуникаций (Роскомнадзор)

Свидетельство о регистрации СМИ: ПИ № ФС 77 - 74475 от 30.11.2018

Учредитель: Федеральное государственное бюджетное научное учреждение

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

Главный редактор:

Е. К. Хлесткина – д.б.н., профессор РАН (Россия)

Заместители главного редактора:

Т. А. Гавриленко – д.б.н. (Россия)

И. Н. Анисимова – д.б.н. (Россия)

Л. Ю. Новикова – д.с.-х.н. (Россия)

Ответственный секретарь:

Н. А. Оськина

Редакционный совет:

О. С. Афанасенко – д.б.н., академик РАН (Россия)
Г. А. Баталова – д.с.-х.н., академик РАН (Россия)
Р. К. Берсимбаев – д.б.н., академик НАН РК (Казахстан)
Л. А. Беспалова – д.с.-х.н., академик РАН (Россия)
А. И. Грабовец – д.с.-х.н., чл.-корр. РАН (Россия)
С. И. Гриб – д.с.-х.н., академик НАНБ (Беларусь)
Е. А. Егоров – д.э.н., академик РАН (Россия)
В. Г. Еремин – д.с.-х.н., профессор РАН (Россия)
Г. В. Еремин – д.с.-х.н., академик РАН (Россия)
Г. И. Карлов – д.б.н., чл.-корр. РАН (Россия)
А. В. Кильчевский – д.б.н., академик НАНБ (Беларусь)
Н. А. Колчанов – д.б.н., академик РАН (Россия)
В. Н. Корзун – д-р (Германия)
А. В. Кочетов – д.б.н., чл.-корр. РАН (Россия)
Н. В. Кухарчик – д.с.-х.н. (Беларусь)
В. М. Лукомец – д.с.-х.н., академик РАН (Россия)
Л. А. Лутова – д.б.н. (Россия)
С. Мишева – д-р (Болгария)
А. И. Моргун – д-р (Турция)
В. Ройчев – д.с.-х.н. (Болгария)
А. А. Романенко – д.с.-х.н., академик РАН (Россия)
А. В. Рындин – д.с.-х.н., академик РАН (Россия)
Е. Н. Седов – д.с.-х.н., академик РАН (Россия)
И. А. Тихонович – д.б.н., академик РАН (Россия)
П. Н. Харченко – д.б.н., академик РАН (Россия)
Л. В. Хотылева – д.б.н., академик НАНБ (Беларусь)
В. К. Шумный – д.б.н., академик РАН (Россия)

Редакционная коллегия:

Е. Е. Андронов – к.б.н. (Россия)
Д. А. Афонников – к.б.н. (Россия)
А. Х. Баймиев – д.б.н. (Россия)
И. А. Белан – к.с.-х.н. (Россия)
А. Г. Беседин – к.с.-х.н. (Россия)
М. А. Вишнякова – д.б.н. (Россия)
В. А. Гаврилова – д.б.н. (Россия)
С. В. Гаркуша – д.с.-х.н. (Россия)
Т. А. Гасанова – к.с.-х.н. (Россия)
С. В. Герасимова – к.б.н. (Россия)
М. С. Гинс – д.б.н., чл.-корр. РАН (Россия)
С. В. Гончаров – д.б.н. (Россия)
Р. О. Давоян – д.б.н. (Россия)
Я. Н. Демури – д.б.н. (Россия)
М. Г. Дивашук – к.б.н. (Россия)
С. Н. Еланский – д.б.н. (Россия)
О. В. Еремина – д.с.-х.н. (Россия)
А. П. Ермишин – д.б.н. (Беларусь)
М. В. Ефимова – к.б.н. (Россия)
Р. Ш. Заремук – д.с.-х.н. (Россия)
С. В. Зеленцов – д.с.-х.н., чл.-корр. РАН (Россия)
Е. Т. Ильницкая – к.б.н. (Россия)
Р. Н. Календарь – к.б.н. (Казахстан)
Н. Н. Карпун – д.б.н. (Россия)
В. С. Ковалев – д.с.-х.н. (Россия)
Н. Н. Коваленко – д.б.н. (Россия)
Е. З. Кочиева – д.б.н. (Россия)
Б. Р. Кулуев – д.б.н. (Россия)
К. У. Куркиев – д.б.н. (Россия)
С. В. Кушнаренко – к.б.н. (Казахстан)
И. Н. Леонова – д.б.н. (Россия)
И. Е. Лихенко – д.с.-х.н. (Россия)
В. В. Лиховской – д.с.-х.н. (Россия)
П. Н. Мальчиков – д.с.-х.н. (Россия)
Т. В. Матвеева – д.б.н. (Россия)
Н. В. Мироненко – д.б.н. (Россия)
И. В. Митрофанова – д.б.н. (Россия)
Е. И. Михайлова – д.б.н. (Россия)
С. В. Осипова – д.б.н. (Россия)
В. Н. Подорожный – к.с.-х.н. (Россия)
Т. Г. Причко – д.с.-х.н. (Россия)
Т. А. Рожмина – д.б.н. (Россия)
А. В. Смыков – д.с.-х.н. (Россия)
А. А. Соловьев – д.б.н., профессор РАН (Россия)
И. И. Супрун – к.б.н. (Россия)
Е. К. Турусбеков – к.б.н. (Казахстан)
Е. В. Ульяновская – д.с.-х.н. (Россия)
О. Ю. Урбанович – д.б.н. (Беларусь)
Ю. В. Фотев – к.с.-х.н. (Россия)
Э. Б. Хатефов – д.б.н. (Россия)
Я. А. Цепилов – к.б.н. (Россия)
М. Н. Шаптуренко – д.б.н. (Беларусь)
О. Ю. Шоева – к.б.н. (Россия)
Л. А. Эльконин – д.б.н. (Россия)
Г. В. Якуба – к.б.н. (Россия)

Plant Biotechnology and Breeding

2023 Volume 6 No 1
DOI: 10.30901/2658-6266-2022-3
<https://biosel.elpub.ru>

Scientific Peer Reviewed Journal

Founded in 2018

Founder: Federal Research Center
the N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources

Editor-in-Chief:

E. K. Khlestkina – Dr. Sci. in Biol., Professor. (Russia)

Deputy Editors-in-Chief:

T. A. Gavrilenko – Dr. Sci. in Biol. (Russia)
I. N. Anisimova – Dr. Sci. in Biol. (Russia)
L. Yu. Novikova – Dr. Sci. in Agricul. (Russia)

Executive Secretary:

N. A. Oskina

Editorial council:

O. S. Afanasenko – Dr. Sci. in Biol., Full Member of the RAS (Russia)
G. A. Batalova – Dr. Sci. in Agricul., Full Member of the RAS (Russia)
R. K. Bersimbaev – Dr. Sci. in Biol., Full Member of the NAS RK (Kazakhstan)
L. A. Bespalova – Dr. Sci. in Agricul., Full Member of the RAS (Russia)
E. A. Egorov – Dr. Sci. in Econ., Full Member of the RAS (Russia)
G. V. Eremin – Dr. Sci. in Agricul., Full Member of the RAS (Russia)
V. G. Eremin – Dr. Sci. in Agricul., Professor (Russia)
A. I. Grabovets – Dr. Sci. in Agricul., Corr. Member of the RAS (Russia)
S. I. Grib – Dr. Sci. in Agricul., Full Member of the NAS of Belarus (Belarus)
G. I. Karlov – Dr. Sci. in Biol., Corr. Member of the RAS (Russia)
P. N. Kharchenko – Dr. Sci. in Biol., Full Member of the RAS (Russia)
L. V. Khotyleva – Dr. Sci. in Biol., Full Member of the NAS of Belarus (Belarus)
A. V. Kilchevsky – Dr. Sci. in Biol., Corr. Member of the NAS of Belarus (Belarus)
A. V. Kochetov – Dr. Sci. in Biol., Corr. Member of the RAS (Russia)
N. A. Kolchanov – Dr. Sci. in Biol., Full Member of the RAS (Russia)
V. N. Korzun – Dr. (Germany)
N. V. Kukharchik – Dr. Sci. in Agricul. (Belarus)
V. M. Lukomets – Dr. Sci. in Agricul., Full Member of the RAS (Russia)
L. A. Lutova – Dr. Sci. in Biol. (Russia)
S. Misheva – Dr. (Bulgaria)
A. I. Morgunov – Dr. (Turkey)
A. A. Romanenko – Dr. Sci. in Agricul., Full Member of the RAS (Russia)
A. V. Ryndin – Dr. Sci. in Agricul., Full Member of the RAS (Russia)
V. Roychev – Dr. Sci. in Agricul. (Bulgaria)
E. N. Sedov – Dr. Sci. in Agricul., Full Member of the RAS (Russia)
V. K. Shumny – Dr. Sci. in Biol., Full Member of the RAS (Russia)
I. A. Tikhonovich – Dr. Sci. in Biol., Full Member of the RAS (Russia)

Editorial board:

D. A. Afonnikov – Cand. Sci. in Biol. (Russia)
E. E. Andronov – Cand. Sci. in Biol. (Russia)
A. H. Bajmiev – Dr. Sci. in Biol. (Russia)
I. A. Belan – Cand. Sci. in Agricul. (Russia)
A. G. Besedin – Cand. Sci. in Agricul. (Russia)
R. O. Davoyan – Dr. Sci. in Biol. (Russia)
Ya. N. Demurin – Dr. Sci. in Biol. (Russia)
M. G. Divashuk – Cand. Sci. in Biol. (Russia)
M. V. Efimova – Cand. Sci. in Biol. (Russia)
S. N. Elansky – Dr. Sci. in Biol. (Russia)
L. A. Elkonin – Dr. Sci. in Biol. (Russia)
O. V. Eremina – Dr. Sci. in Agricul. (Russia)
A. P. Ermishin – Dr. Sci. in Biol. (Belarus)
Yu. V. Fotev – Cand. Sci. in Agricul. (Russia)
S. V. Garkusha – Dr. Sci. in Agricul. (Russia)
T. A. Gasanova – Cand. Sci. in Agricul. (Russia)
V. A. Gavrilova – Dr. Sci. in Biol. (Russia)
S. V. Gerasimova – Cand. Sci. in Biol. (Russia)
M. S. Gins – Dr. Sci. in Biol., Corr. Member of the RAS (Russia)
S. V. Goncharov – Dr. Sci. in Biol. (Russia)
E. T. Ilnitskaya – Cand. Sci. in Biol. (Russia)
R. N. Kalendar – Cand. Sci. in Biol. (Kazakhstan)
N. N. Karpun – Dr. Sci. in Biol. (Russia)
E. B. Khatefov – Dr. Sci. in Biol. (Russia)
E. Z. Kochieva – Dr. Sci. in Biol. (Russia)
N. N. Kovalenko – Dr. Sci. in Biol. (Russia)
V. S. Kovalev – Dr. Sci. in Agricul. (Russia)
B. R. Kuluev – Dr. Sci. in Biol. (Russia)
K. U. Kurkiv – Dr. Sci. in Biol. (Russia)
S. V. Kushnarenko – Cand. Sci. in Biol. (Kazakhstan)
I. N. Leonova – Dr. Sci. in Biol. (Russia)
I. E. Lihenko – Dr. Sci. in Agricul. (Russia)
V. V. Likhovskoi – Dr. Sci. in Agricul. (Russia)
P. N. Malchikov – Dr. Sci. in Agricul. (Russia)
T. V. Matveeva – Dr. Sci. in Biol. (Russia)
N. V. Mironenko – Dr. Sci. in Biol. (Russia)
I. V. Mitrofanova – Dr. Sci. in Biol. (Russia)
E. I. Mikhailova – Dr. Sci. in Biol. (Russia)
S. V. Osipova – Dr. Sci. in Biol. (Russia)
V. N. Podorozhniy – Cand. Sci. in Agricul. (Russia)
T. G. Prichko – Dr. Sci. in Agricul. (Russia)
T. A. Rozhmina – Dr. Sci. in Biol. (Russia)
M. N. Shapturenko – Dr. Sci. Biology (Belarus)
O. Yu. Shoeva – Cand. Sci. in Biol. (Russia)
A. V. Smykov – Dr. Sci. in Agricul. (Russia)
A. A. Soloviev – Dr. Sci. in Biol., Professor (Russia)
I. I. Suprun – Cand. Sci. in Biol. (Russia)
Ya. A. Tsepilov – Cand. Sci. in Biol. (Russia)
E. K. Turuspekov – Cand. Sci. in Biol.
E. V. Ulyanovskaya – Dr. Sci. in Agricul. (Russia)
O. Yu. Urbanovich – Dr. Sci. in Biol. (Belarus)
M. A. Vishnyakova – Dr. Sci. in Biol. (Russia)
G. V. Yakuba – Cand. Sci. in Biol. (Russia)
R. Sh. Zaremuk – Dr. Sci. in Agricul. (Russia)
S. V. Zelentsov – Dr. Sci. in Agricul., Full Member of the RAS (Russia)

СОДЕРЖАНИЕ

ОТ ГЛАВНОГО РЕДАКТОРА 4

Е. К. Хлесткина
ВСТУПИТЕЛЬНАЯ СТАТЬЯ

ИЗУЧЕНИЕ ГЕНЕТИЧЕСКИХ РЕСУРСОВ РАСТЕНИЙ С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ МЕТОДОВ МОЛЕКУЛЯРНОЙ ГЕНЕТИКИ 6

*Е.Т. Ильницкая, М.В. Макаркина,
Р.Э. Казахмедов, Е.А. Кожевников, Т.Д. Козина*
Научная статья

Изучение генетических профилей растений винограда, сохраняемых под наименованием дагестанского сорта 'Хатми'

М.С. Макаренко, В.А. Гаврилова 13

Научная статья

Транскрипционная активность митохондриальных генов у внутривидового и межвидовых гибридов подсолнечника

РАЗВИТИЕ СОВРЕМЕННЫХ МЕТОДОВ СЕЛЕКЦИИ 19

*А.В. Ульянов, Д.С. Куцев, В.В. Васипов,
Х.Р. Мамадова, Ю.Х. Хакулова,
С.Ф. Исрафилова, М.Р. Фирсова,
А.В. Карлов, Э.Б. Хатефов*

Научная статья

Создание дигаплоидных линий кукурузы *Zea mays* L. методом ресинтеза из тетраплоидной популяции

КРАТКИЕ СООБЩЕНИЯ 32

*Е.К. Хлесткина, Ю.В. Ухатова, Л.Ю. Шипилина,
А.А. Заварзин*

Генетические ресурсы и генетические технологии для развития северных территорий: об итогах Второй конференции (13-15 марта 2023 года)

*Е.К. Хлесткина, В.К. Шумный,
А.А. Нижников, И.А. Тихонович* 39

К юбилею академика Любови Владимировны Хотылёвой

CONTENTS

FROM THE EDITOR IN CHIEF 4

E. K. Khlestkina
INTRODUCTORY ARTICLE

STUDY OF PLANT GENETIC RESOURCES USING MOLECULAR GENETICS METHODS 6

*E.T. Ilnitskaya, M.V. Makarkina,
R.E. Kazahmedov, E.A. Kozhevnikov, T.D. Kozina*
Original article

A study of genetic profiles of grape plants preserved under the name of Dagestan variety 'Khatmi'

M.S. Makarenko, V.A. Gavrilova 13

Original article

Transcriptional activity of mitochondrial genes in intraspecific and interspecific sunflower hybrids

DEVELOPMENT OF MODERN BREEDING METHODS 19

*A.V. Ulyanov, D.S. Kutsev, V.V. Vasipov,
K.R. Mamadova, M.Yu. Khakulova,
S.F. Israfilova, M.R. Firsova, A.V. Karlov,
Khatefov E.B.*

Original article

Creation of doubled haploid lines of maize *Zea mays* L. by resynthesis from a tetraploid population

КРАТКИЕ СООБЩЕНИЯ 32

*E.K. Khlestkina, Y.V. Ukhatova, L.Y. Shipilina,
A.A. Zavarzin*

Genetic resources and genetic technologies for the development of the Northern Territories: on the results of the Second Conference (March 13–15, 2023)

*E.K. Khlestkina, V.K. Shumny, A.A. Nizhnikov,
I.A. Tikhonovich* 39

On the anniversary of Academician Lyubov Vladimirovna Khotyleva



Уважаемые читатели!

В данном выпуске журнала мы представляем вашему вниманию статьи, посвященные исследованиям в области молекулярной генетики и селекции культурных растений.

В работе Е.Т. Ильницкой с соавторами представлены результаты изучения при помощи микросателлитных маркеров выборки растений винограда, выращиваемых в различных районах Республики Дагестан под названием аборигенного сорта 'Хатми'. В результате уточнен ДНК-профиль дагестанского сорта винограда 'Хатми'. Вместе с тем, высказано предположение о том, что близкородственный 'Хатми' сорт, именуемый 'Хатми крупноягодный', представляет собой клоновую вариацию другого аборигенного сорта 'Коз узюм'. Актуальность исследования отражает тенденции по усилению контроля сортового соответствия посадочного материала, определяемые законодательством (Федеральный закон «О семеноводстве» от 30.12.2021 N 454-ФЗ), а также внимание, уделяемое автохтонным (аборигенным) сортам винограда (Федеральный закон от 27.12.2019 N 468-ФЗ ред. от 13.06.2023 «О виноградарстве и виноделии в Российской Федерации»).

Работа М.С. Макаренко и В.А. Гавриловой посвящена изучению механизмов скоординированного действия трех геномов рас-

тительной клетки: ядерного, пластидного и митохондриального – на примере подсолнечника. Проведена оценка уровня транскрипционной активности ряда митохондриальных генов у внутривидового и межвидовых гибридов подсолнечника и их родительских форм. Сравнительный анализ не показал значимой разницы между материнскими линиями и гибридами, что, по мнению авторов, свидетельствует об отсутствии значительных изменений в регуляции ядерно-цитоплазматических взаимодействий у изученных гибридов.

Работа А.В. Ульянова с соавторами направлена на поиск новых эффективных методов расширения генетического разнообразия исходного селекционного материала для селекции гибридной кукурузы. Мировая селекция коммерческих гибридов данной культуры ведется на диплоидных генотипах, тогда как тетраплоидные источники исходного материала кукурузы (включая дикие родичи кукурузы с тетраплоидным геномом), являющиеся донорами хозяйственно ценных признаков, слабо вовлечены в селекционный процесс диплоидной кукурузы. Авторами статьи предложен метод получения диплоидных линий с привлечением генетического материала тетраплоидной кукурузы путём гетероплоидного скрещивания и последующего расщепления гибридного потомства, что позволит расширить генетический полиморфизм кукурузы путём вовлечения генетического потенциала тетраплоидных популяций и тетраплоидных диких сородичей в гибридную селекцию на диплоидном уровне.

Дорогие читатели, в этом году исполнилось 95 лет академику Хотылёвой Л.В. – одному из крупнейших специалистов мирового уровня в области генетики сельскохозяйственных растений. Редакция журнала желает долгих лет жизни Любови Владимировне и выражает ей глубочайшее почтение! В текущем выпуске публикуется статья, посвященная юбилею академика Л.В. Хотылёвой, представленная Вавиловским обществом генетиков и селекционеров.

В 2023 году отмечается столетие с момента создания филиальной сети ВИР и столетие первого филиала – Полярной опытной станции ВИР. За сто лет станция ВИР ни на один день не прекращала свою работу по изучению

генетических ресурсов растений и выведению новых сортов, устойчивых к климатическим, почвенным и географическим условиям Крайнего Севера. В итоге именно здесь были разработаны научные основы продвижения земледелия к северу и экспериментально доказано, что при научно обоснованном, системном и бережном подходе к освоению Севера, он может дать человеку почти все, что нужно для жизни. По сей день Полярная опытная станция ВИР является самым северным в мире опытным сельскохозяйственным пунктом. Цикл мероприятий в честь столетнего юбилея Полярной опытной станции ВИР открыла научная конференция «Генетические ресурсы и генетичес-

кие технологии для развития северных территорий», которая состоялась 13-15 марта 2023 года. В текущем выпуске публикуется статья по итогам Конференции, являющейся с 2021 года регулярной площадкой для обмена опытом, консолидации усилий и выработки междисциплинарных подходов между профильными специалистами – генетиками, ресурсоведами и биотехнологами, а также специалистами из смежных разделов биологии, медицины и из других наук, чьи совместные усилия направлены на повышение востребованности биоресурсных коллекций и роли генетических технологий в развитии северных регионов нашей страны.

*Главный редактор,
профессор РАН
Е.К. Хлесткина*

Научная статья

УДК 634.8:575.113.2

DOI: 10.30901/2658-6266-2023-1-03



Изучение генетических профилей растений винограда, сохраняемых под наименованием дагестанского сорта 'Хатми'

Е. Т. Ильницкая¹, М. В. Макаркина¹, Р. Э. Казахмедов², Е. А. Кожевников¹, Т. Д. Козина¹

¹Северо-Кавказский федеральный научный центр садоводства, виноградарства, виноделия, Краснодар, Россия

²Северо-Кавказский федеральный научный центр садоводства, виноградарства, виноделия, Дагестанская селекционная опытная станции виноградарства и овощеводства – филиал Северо-Кавказского федерального научного центра садоводства, виноградарства, виноделия, Дербент, Республика Дагестан, Россия

Автор, ответственный за переписку: Елена Тарасовна Ильницкая, ilnitskaya79@mail.ru

Актуальность. Традиционно описание сортов винограда – задача ампелографии. Однако ряд форм винограда, известных как разные сорта, имеют схожий фенотип. Молекулярно-генетическая характеристика наиболее точный инструмент для сортовой идентификации. Разработка ДНК-паспортов сортов – первый этап работы в данном направлении. При наличии обширной базы ДНК-профилей винограда можно определять сортовую принадлежность неизвестных форм, подтверждать или опровергать сортовое соответствие посадочного материала. 'Хатми' – автохтонный дагестанский сорт винограда. В международной базе ДНК-паспортов сортов винограда *IVC* представлен профиль сорта 'Khatmi'. Однако при внедрении методов ДНК-анализа в изучение винограда для ряда древних сортов было определено, что под одним наименованием возделывались разные сорта, для других была выявлена определённая варибельность генотипов. **Цель работы:** изучить выборку растений сорта 'Хатми' из разных мест произрастания в Дагестане с вовлечением в анализ микросателлитных локусов, стандартных для генотипирования винограда, оценить уровень генетического сходства образцов и уточнить ДНК-профиль 'Хатми'. **Материал и методы.** Молекулярно-генетическое исследование проведено на 10 образцах из разных популяций 'Хатми'. Сбор материала производили на коллекционных участках Дагестанской селекционной опытной станции виноградарства и овощеводства и Дагестанской опытной станции ВИР, а также в производственных насаждениях. Экстракция ДНК выполнена из гербарных образцов с помощью СТАВ-метода, использованы верхушки молодых побегов винограда. Генотипирование образцов проведено методом полимеразной цепной реакции с использованием стандартного набора праймеров для 9 микросателлитных (SSR) маркеров VVS2, VVMD5, VVMD7, VVMD25, VVMD27, VVMD28, VVMD32, VrZAG62 и VrZAG79, рекомендованных международной организацией винограда и вина (OIV) для ДНК-паспортизации винограда. Разделение продуктов амплификации и оценка их размеров проведены с помощью капиллярного электрофореза на генетическом анализаторе ABI Prism 3130. **Результаты.** Проведено генотипирование 10 образцов винограда, произрастающих в Дагестане под наименованием 'Хатми', включая образцы из разных коллекций и мест промышленного разведения, а также клоновые вариации этого сорта и предполагаемые клоновые вариации. ДНК-профили изученных образцов имели отличия в две пары нуклеотидов в одном из локусов при сравнении с ДНК-профилем 'Khatmi', представленным в международной базе ДНК паспортов сортов винограда *IVC*. Определено, что образец под наименованием 'Хатми крупноягодный' является близкородственным сорту 'Хатми' по своему генотипу, но, вероятно, представляет собой клоновую вариацию другого аборигенного сорта Дагестана – 'Коз узюм'. **Заключение.** Уточнён ДНК-профиль аборигенного дагестанского сорта винограда 'Хатми'.

Ключевые слова: ДНК-профиль, аборигенный сорт винограда, клоны, SSR-маркеры

Благодарности: Молекулярно-генетическое исследование было выполнено на оборудовании центра коллективного пользования Северо-Кавказского федерального научного центра садоводства, виноградарства, виноделия по направлению «Геномные и пост-геномные технологии» в рамках темы государственного задания № 0498-2022-0001.

Для цитирования: Ильницкая Е.Т., Макаркина М.В., Казахмедов Р.Э., Кожевников Е.А., Козина Т.Д. Изучение генетических профилей растений винограда, сохраняемых под наименованием дагестанского сорта 'Хатми'. *Биотехнология и селекция растений*. 2023;6(1):6-12. DOI: 10.30901/2658-6266-2023-1-03

Прозрачность финансовой деятельности. Авторы не имеют финансовой заинтересованности в представленных материалах или методах. Авторы благодарят рецензентов за их вклад в экспертную оценку этой работы. Мнение журнала нейтрально к изложенным материалам, авторам и их месту работы.

© Ильницкая Е.Т., Макаркина М.В., Казахмедов Р.Э., Кожевников Е.А., Козина Т. Д., 2023

Original article

DOI: 10.30901/2658-6266-2023-1-03

A study of genetic profiles of grape plants preserved under the name of Dagestan variety 'Khatmi'

Elena T. Ilnitskaya¹, Marina V. Makarkina¹, Ramidin E. Kazahmedov², Evgeny A. Kozhevnikov¹, Tatiana D. Kozina¹¹North-Caucasian Federal Scientific Center of Horticulture, Viticulture, Winemaking, Krasnodar, Russia²North-Caucasian Federal Scientific Center of Horticulture, Viticulture, Winemaking, Dagestan breeding experimental station of viticulture and vegetable growing – a branch of the North-Caucasian Federal Scientific Center for Horticulture, Viticulture, Winemaking, Derbent, Republic of Dagestan, Russia**Corresponding author:** Elena T. Ilnitskaya, ilnitskaya79@mail.ru

Background. Traditionally, the description of grape varieties is a task of ampelographic studies. However, several different grape cultivars have similar phenotypic traits. Molecular genetic characterization is the most accurate tool for cultivar identification. The development of DNA fingerprinting of varieties is the first step in this direction. An extensive database of DNA profiles of grape genotypes makes it possible to determine the varietal affiliation of unknown forms, confirm or refute the varietal correspondence of planting material. 'Khatmi' is an autochthonous grape variety from Dagestan. The profile of 'Khatmi' is presented in the *IVC* international database of DNA fingerprints for grape varieties. However, an application of DNA analysis methods in grape variety studies has determined that several ancient varieties were cultivated under one name, while for others a certain variability of genotypes was observed. **The objectives** of the work were to study samples of 'Khatmi' plants from different places of growth in Dagestan by standard microsatellite loci used for grape genotyping, to assess the level of genetic similarity of the samples, and to refine the DNA profile of 'Khatmi'.

Materials and methods. Molecular genetic study was carried out on 10 samples from different 'Khatmi' populations. The material was picked from the collection sites of Dagestan breeding experimental station of viticulture and vegetable growing and the Dagestan Experiment Station of VIR, as well as from production plantations. DNA was extracted from herbarium specimens of young grape shoot tips by the CTAB method. The samples were genotyped by polymerase chain reaction using a standard set of primers for 9 microsatellite markers VVS2, VVMD5, VVMD7, VVMD25, VVMD27, VVMD28, VVMD32, VrZAG62 and VrZAG79 recommended by the International Organization of Grapes and Wine (OIV) for grapevine DNA fingerprinting. Amplification products were separated, and their sizes were assessed using capillary electrophoresis on an ABI Prism 3130 genetic analyzer. **Results.** Genotyping was done for 10 samples of grapes growing in Dagestan under the name 'Khatmi', including samples from different collections and places of industrial cultivation, as well as clonal variations of this variety and putative clonal variations. The two base pair differences within one of the loci distinguished the DNA profiles of the analyzed samples from that of 'Khatmi' presented in the international grape varieties database *IVC*. It was determined that the sample under the name 'Khatmi krupnoyagodnyi' is closely related to 'Khatmi' variety by its genotype, but probably represents a clonal variation of 'Koz uzum', another local variety of Dagestan. **Conclusion.** The DNA profile of the local Dagestan grape variety 'Khatmi' has been refined.

Keywords: DNA profile, local grape variety, clones, SSR markers

Acknowledgments: The molecular genetic research was carried out on the equipment of the collective use center of North-Caucasian Federal Scientific Center of Horticulture, Viticulture, Winemaking in the field of Genomic and post-genomic technologies within the framework of the State Assignment, Topic No.0498-2022-0001.

For citation: Ilnitskaya E.T., Makarkina M.V., Kazahmedov R.E., Kozhevnikov E.A., Kozina T.D. A study of genetic profiles of grape plants preserved under the name of Dagestan variety 'Khatmi'. *Plant Biotechnology and Breeding*. 2023;6(1):6-12. (In Russ.). DOI: 10.30901/2658-6266-2023-1-03

Financial transparency. The authors have no financial interest in the presented materials or methods. The authors thank the reviewers for their contribution to the peer review of this work. The journal's opinion is neutral to the presented materials, the authors, and their employers.

© Ilnitskaya E.T., Makarkina M.V., Kazahmedov R.E., Kozhevnikov E.A., Kozina T.D., 2023

Введение

‘Хатми’ – автохтонный дагестанский столовый сорт винограда среднего периода созревания, районирован в Северо-Кавказском регионе с 1965 года. Выведен ряд клонов данного сорта. На неукрывных, обильно орошаемых виноградниках южного Дагестана ‘Хатми’ относится к числу урожайных сортов. Рост растений сорта сильный даже в засушливых условиях. Важно отметить, что сорт достаточно толерантен к корневой филлоксере – урожай растений возрастом 25-26 лет в 2012-2013 годах на фоне заражения филлоксерой достигал 5-7 кг/куст. В Дагестане ‘Хатми’ является излюбленным столовым сортом местного населения. Ко времени перезревания ягод их сахаристость нередко достигает 24-25 г/дм³ при очень низкой кислотности, что позволяет делать из ‘Хатми’ вина полудесертного типа высокого качества. До 1985 года насаждения сорта занимали большие площади в Дагестане, однако, в настоящее время посадки сорта значительно сократились (не более 10 га в республике), а также сорт сохраняется в коллекциях Дагестанской селекционной опытной станции виноградарства и овощеводства (ДСО-СВиО) и Опытной станции ВИР.

Традиционно описание сортов винограда – задача ампелографии (от греческого *ampelos* – виноградная лоза и *graphos* – описание), которая заключается в сравнительном анализе морфологических признаков листьев, верхушек побегов, грозди и ягод. Однако некоторые сорта винограда имеют схожие фенотипы. В настоящее время молекулярно-генетический метод является наиболее точным инструментом для сортовой идентификации винограда, определения сортов-синонимов и сортов-омонимов в коллекциях (This et al., 2004; Baránková et al., 2020; Bibi et al., 2020; Nebish et al., 2021; Barrias et al., 2023; Dumitru et al., 2023). Например, при исследовании ампелографически и при помощи SSR-маркеров (Dumitru et al., 2023) 23-х образцов автохтонного белого винограда, хранящихся в румынской коллекции зародышевой плазмы *ex situ*, А.М.И. Dumitru с соавторами определили два варианта синонимии: Gordan = Zemoasă, Galbenă de Odobești = Zghihață de Nuși. При изучении 163 образцов с острова Крит (Греция) А.С. Bibi с соавторами (Bibi et al., 2020) идентифицировали 10 случаев синонимов и 10 групп омонимов. В 2023 году S. Barrias и соавторы (Barrias et al., 2023) с помощью SSR и SNP маркеров провели анализ 19 сортов винограда, произрастающих на старом винограднике в Португалии под определенными наименованиями, и установили, что 10 образцов соответствуют одноименным профилям (или одному из синонимов) из базы данных ДНК-паспортов сортов винограда IVC (IVC, 2023); для восьми образцов сортовая принадлежность, определенная ампелографически, не совпала с данными SSR-анализа, причем два из них имели цвет ягоды, не совпадающий с проявлением этого признака у образца, сорт которого был определен с помощью молекулярных маркеров. Один из этих образцов оказался уникальным.

Его родословную удалось реконструировать по данным ДНК-анализа.

Целью данного исследования было уточнить ДНК-профиль считающегося аборигенным для Дагестана сорта ‘Хатми’. Для реализации цели необходимо было изучить выборку растений, относимых к данному сорту, из разных мест произрастания в Дагестане и оценить уровень их генетического сходства по микросателлитным (SSR) локусам, стандартным для генотипирования винограда. Во исполнение поставленных задач, нами было проведено генотипирование 10 образцов винограда под наименованием ‘Хатми’, произрастающих в Дагестане, включая образцы из разных коллекций и мест промышленного разведения, а также клоновые вариации этого сорта и предполагаемые клоновые вариации.

Материал и методы

Молекулярно-генетическое исследование проводили на 10 образцах винограда сорта ‘Хатми’ и его клонов. Материал был передан Дагестанской селекционной опытной станцией виноградарства и овощеводства (ДСО-СВиО) в 2021 году. Сбор материала сортообразцов и клонов ‘Хатми’ производили на коллекционных участках ДСОСВиО и Дагестанской опытной станции ВИР 1997 и 2003 годов посадок, а также производственных насаждениях ДСОСВиО 1985 (1 в таблице) и 1997 (2 в таблице) годов закладки.

Экстракцию ДНК проводили из образцов гербария СТАВ-методом, в основе которого лежит лизис клеток буфером на основе СТАВ (ЦТАБ – цетилтриметиламмонийбромид) (Rogers et al., 1985). Для приготовления пробы ДНК для одного сорта или клона использовали несколько верхушек молодых побегов с 2-3 растений.

Для генотипирования использовали стандартный для ДНК-профилирования винограда набор праймеров для амплификации девяти микросателлитных маркеров VVS2, VVMD5, VVMD7, VVMD25, VVMD27, VVMD28, VVMD32, VrZAG62 и VrZAG79 (OIV, 2019), меченых флуоресцентными красителя (FAM, TAMRA или R6G) на 5' конце прямого праймера.

Полимеразную цепную реакцию (ПЦР) проводили в амплификаторе Eppendorf MasterCycler nexus GX2 (Германия). В составе 20 мкл смеси для ПЦР использовали следующие компоненты: 50-100 нг матрицы ДНК, 1,75 ед. активности Taq-полимеразы (СибЭнзайм, Новосибирск), 1х буфер для Taq-полимеразы с сульфатом аммония и магнием, 1 мкл 2%BCA (бычий сывороточный альбумин), dNTP по 0,2 ммоль (СибЭнзайм, Новосибирск), и 4 пмоль каждого праймера (ООО «Синтол», Москва).

ПЦР проводили с использованием двух программ амплификации: 1) для маркеров VVS2, VVMD5, VVMD7, VVMD27 – начальная денатурация при 95°C в течение 3 минут, далее 34 цикла (денатурация при 95°C в течение 30 секунд; отжиг при 55°C в течение 30 секунд; элонгация при 72°C в течение 45 секунд), финальная элонгация

при 72°C в течение 30 минут; 2) для маркеров VVMD25, VVMD28, VVMD32, VrZAG62, VrZAG79 – начальная денатурация при 95°C в течение 4 минут, далее 34 цикла (денатурация при 95°C в течение 30 секунд; отжиг при 58°C в течение 30 секунд; элонгация при 72°C в течение 40 секунд), финальная элонгация при 72°C в течение 30 минут.

Для разделения продуктов амплификации использовали капиллярный автоматический генетический анализатор ABI Prism 3130 (США, Калифорния). Электрофореграммы были подвергнуты обработке с применением программы GeneMapper v 4.1. Результаты определения размера фрагментов для каждого образца были соотнесены с аллельным профилем референсного сорта ‘Пино

нуар’, который по анализируемым локусам принят за стандарт.

Результаты и обсуждение

Нами выполнена ДНК-паспортизация образцов сорта ‘Хатми’ и его клонов по 9 микросателлитным локусам (полный набор SSR-маркеров, рекомендуемый для ДНК-паспортизации сортов винограда *Vitis vinifera* L.). Все полученные ДНК-профили сравнивали с ДНК-профилем сорта ‘Khatmi’ (‘Хатми’), занесенным в международную Базу данных ДНК-паспортов сортов винограда *IIVC*, образец 6167 (*IIVC*, 2023), и в целом проводили анализ на предмет совпадений с известными генотипами

Таблица. Микросателлитные ДНК-профили сорта винограда ‘Хатми’ и его клонов, анализируемых в данном исследовании, и сортов ‘Khatmi’ и ‘Koz uzyum’ из Базы данных *IIVC*

Table. Microsatellite DNA profiles of grape variety ‘Khatmi’ and its clones analyzed in this study, as well as of ‘Khatmi’ and ‘Koz uzyum’ varieties from the *IIVC* database

Образец/Sample	Маркер/marker								
	VVS2	VVMD5	VVMD7	VVMD25	VVMD27	VVMD28	VVMD32	VrZag62	VrZag79
‘Khatmi’ (6167, <i>IIVC</i>)	135	224	249	241	186	258	250	200	251
	143	238	249	255	195	260	272	200	257
‘Хатми’ производство (1***)	135	226	249	241	186	258	250	200	251
	143	238	249	255	195	260	272	200	257
‘Хатми’ производство (2)	135	226	249	241	186	258	250	200	251
	143	238	249	255	195	260	272	200	257
‘Хатми’ (ВИР)	135	226	249	241	186	258	250	200	251
	143	238	249	255	195	260	272	200	257
‘Хатми урожайный’ (1)	135	226	249	241	186	258	250	200	251
	143	238	249	255	195	260	272	200	257
‘Хатми урожайный’ (2)	135	226	249	241	186	258	250	200	251
	143	238	249	255	195	260	272	200	257
‘Хатми’ клон (46р.) №2	135	226	249	241	186	258	250	200	251
	143	238	249	255	195	260	272	200	257
‘Хатми’ клон (47р.) №3	135	226	249	241	186	258	250	200	251
	143	238	249	255	195	260	272	200	257
‘Хатми’ клон 9 №7	135	226	249	241	186	258	250	200	251
	143	238	249	255	195	260	272	200	257
‘Хатми’ коллекция ДСОСВиО	135	226	249	241	186	258	250	200	251
	143	238	249	255	195	260	272	200	257
‘Хатми крупногодный’ (ВИР)	135	236	249	239	186	258	248	200	251
	137*	238	249	241	195	258	272	200	257
‘Koz uzyum’ (<i>IIVC</i>)**	135	236	249	239	186	234	272		
	137	238	249	241	195	258	272		

Примечания:

*жирным шрифтом выделены варианты аллелей у исследованных образцов, составляющих отличие от эталонного профиля сорта ‘Khatmi’, включенного в международную Базу ДНК-паспортов сортов винограда *IIVC* (*IIVC*, 2023)

** микросателлитный профиль ‘Koz uzyum’ (*IIVC*, 2023) выделен серым фоном.

сортов, включенными в ИВС.

Из 10 проанализированных образцов 9 показали соответствие ДНК-профилю ‘Khatmi’, представленному в ИВС, за исключением отличия в две пары нуклеотидов (пн) по одной аллели в локусе VVMD5, а у одного образца определён иной ДНК-профиль, а именно ‘Хатми крупноягодный’ (ВИР) (см. таблица).

Отличия в две пары нуклеотидов в локусе VVMD5 могут быть следствием мутации в микросателлитном локусе, обусловленной проскальзыванием ДНК-полимеразы на число пар нуклеотидов мотива (короткого повтора) SSR-маркера в процессе репликации (у VVMD5 он составляет 2 или 4 пн) (Crespan et al., 2004; Pelsy, 2010; Hocquigny et al., 2011; Spotar et al., 2021; Villano et al., 2022). Данное явление отмечено у древних и длительно культивируемых сортов, к которым и относят считающийся аборигенным для Дагестана сорт ‘Хатми’; с этим явлением связывают накопление мутаций (Pelsy et al., 2010). Так, например, Спотарь с соавторами (Spotar et al., 2021), проанализировав несколько сортов винограда западно-европейского происхождения, произрастающих в Крыму, выявили отличия в две пн в локусе VVMD27 в одном из образцов (Spotar et al., 2021).

Образец ‘Хатми крупноягодный’ близок ‘Хатми’, но имеет отличия от всех остальных образцов по одной паре аллелей в трёх локусах из девяти проанализированных нами. В наше исследование данный образец был включён как предполагаемый клон ‘Хатми’. Вероятно, он мог быть потомком данного аборигенного сорта или иметь очень близкий генотип, возможно, вследствие происхождения от одних и тех же родительских форм.

Аллельный поиск возможных сортов-родственников образцов ‘Хатми крупноягодный’ в базе данных ИВС выявил следующее: образцом, наиболее близким по генотипу к ‘Хатми крупноягодный’ (ВИР), является дагестанский аборигенный сорт ‘Koz uzuum’ (‘Коз узюм’) – идентичные аллели в пяти SSR-локусах VVS2, VVMD5, VVMD7, VVMD25, VVMD27, и в двух локусах есть по одной общей аллели. Можно предположить, что гомозигота 258:258 у ‘Хатми крупноягодный’ по SSR-локусу VVMD28 является мутацией, связанной с проскальзыванием ДНК-полимеразы. Сходная по механизму возникновения мутация могла возникнуть и у ‘Коз узюма’ по VVMD32 (272:272) (Hocquigny et al., 2011). По локусам VrZag62 и VrZag79 данные в ИВС не представлены. Фенотипически сорта ‘Хатми’ и ‘Коз узюм’ схожи (Peytel, 1954; Peytel, 1966). Можно предположить, что ‘Хатми крупноягодный’ (ВИР) является клоновой вариацией сорта винограда ‘Коз узюм’.

Совпадение ДНК-профилей ‘Хатми’ и ‘Хатми урожайный’ по оцениваемым 9 микросателлитным локусам ожидаемо, так как ‘Хатми урожайный’ – спонтанный соматический мутант (клон) сорта ‘Хатми’, который был выделен на Дагестанской селекционной опытной станции виноградарства и овощеводства. Более того, можно сказать, что полученные в этом исследовании данные

подтверждают, что ‘Хатми урожайный’ – действительно является клоновой вариацией сорта ‘Хатми’. Сорт ‘Хатми урожайный’ отличает от исходного сорта очень высокая урожайность, сорт введён в реестр селекционных достижений, допущенных к использованию в РФ в 2006 году. Аналогичная ситуация по ДНК-профилям с тремя образцами предполагаемых клонов (‘Хатми’ клон (46р.) №2, ‘Хатми’ клон (47р.) №3, ‘Хатми’ клон 9 №7). Полное совпадение ДНК-профилей по 9 микросателлитным локусам наблюдается у сортов-клонов (Regner et al., 2000; Imazio et al., 2002; Regner et al., 2006; Röckel, 2017).

Заключение

Уточнён ДНК-профиль аборигенного дагестанского сорта винограда ‘Хатми’: VVS2^{135 143} VVMD5^{226 238} VVMD7^{249 249} VVMD25^{241 255} VVMD27^{186 195} VVMD28^{258 260} VVMD32^{250 272} VrZAG62^{200 200} VrZAG79^{251 257}. При анализе выборки растений сорта и его клонов по 9 микросателлитным локусам, используемым для ДНК-паспортизации *V. vinifera*, показаны отличия в две пары нуклеотидов одного локуса от ДНК-профиля ‘Khatmi’, представленного в международной базе ДНК паспортов сортов винограда ИВС. Определено, что образец под наименованием сорт ‘Хатми крупноягодный’, сохраняемый в коллекции Дагестанской опытной станции ВИР, является близким родственником сорту ‘Хатми’, но, вероятно, представляет собой клоновую вариацию другого аборигенного сорта Дагестана – сорта ‘Коз узюм’.

References/Литература

- Baránková K., Sotolář R., Baránek M. Identification of rare traditional grapevine cultivars using SSR markers and their geographical location within the Czech Republic. *Czech Journal of Genetics and Plant Breeding*. 2020;56(2):71-78. DOI: 10.17221/61/2019-CJGPB
- Barrias S., Pereira L., Rocha S., de Sousa T.A., Ibáñez J., Martins-Lopes P. Identification of Portuguese traditional grapevines using molecular marker-based strategies. *Scientia Horticulturae*. 2023;311:111826. DOI: 10.1016/j.scienta.2023.111826
- Bibi A.C., Gonias E.D., Doulis A.G. Genetic diversity and structure analysis assessed by SSR markers in a large collection of Vitis cultivars from the Island of Crete, Greece. *Biochemical Genetics*. 2020;58(2):294-321. DOI: 10.1007/s10528-019-09943-z
- Crespan M. Evidence on the evolution of polymorphism of microsatellite markers in varieties of *Vitis vinifera* L. *Theoretical and Applied Genetics*. 2004;108(2):231-237. DOI: 10.1007/s00122-003-1419-5
- Dumitru A.M.I., Manolescu A.E., Sumedrea D.I., Popescu C.F., Cosmulescu S. Genetic diversity of some autochthonous white grape varieties from Romanian germplasm collections. *Czech Journal of Genetics and Plant Breeding*. 2023;59(2):55-66. DOI: 10.17221/45/2022-CJGPB
- Hocquigny S., Pelsy F., Dumas V., Kindt S., Heloir M-C., Merdinoglu D. Diversification within grapevine cultivars goes through chimeric states. *Genome*. 2011;47(3):579-589. DOI: 10.1139/g04-006
- Imazio S., Labra M., Grassi F., Winfield M., Bardini M., Scienza A. Molecular tools for clone identification: the case of the grapevine cultivar ‘Traminer’. *Plant Breeding*. 2002;121(6):531-535. DOI: 10.1046/j.1439-0523.2002.00762.x
- Nebish A., Tello J., Ferradás Y., Aroutiounian R., Martínez-Zapater J.M., Ibáñez J. SSR and SNP genetic profiling of Armenian grape cul-

- tivars gives insights into their identity and pedigree relationships. *OENO One*. 2021;55(4):101-114. DOI: 10.20870/oeno-one.2021.55.4.4815
- OIV (International Organisation of Vine and Wine) (2019). "OIV protocol for identification of varieties," in Resolution OIV-VITI 609-2019. Available at: <https://www.oiv.int/public/medias/6886/oiv-viti-609-2019-en.pdf> [accessed June 01, 2023].
- Peysel' M.YA. Koz uzyum. In: *Ampelography of the USSR. V. 3. Ampelography proper. Standard and perspective varieties of grapes (Ampelografiya SSSR. T. 3. Chastnaya ampelografiya. Standartnyye i perspektivnyye sorta vinograda)*. A. M. Frolov-Bagreev (ed.). Moscow; 1954. p.266-273. [in Russian] (Пейтель М.Я. Коз узюм. В кн.: *Ампелография СССР. Т. 3. Частная ампелография. Стандартные и перспективные сорта винограда* / под ред. А.М. Фролова-Багреева. Москва; 1954. С.266-273).
- Peysel' M.YA. Khatmi. In: *Ampelography of the USSR. Rare grape varieties. Vol. 3. Ampelography proper. Rare domestic and foreign grape varieties (Ampelografiya SSSR. Malorasprostrannyye sorta vinograda. T. 3. Chastnaya ampelografiya. Malorasprostrannyye otechestvennyye i zarubezhnyye sorta vinograda)*. A. M. Negrul' (ed.). Moscow; 1966. p.327-330. [in Russian] (Пейтель М.Я. Хатми. В кн.: *Ампелография СССР. Малораспространенные сорта винограда. Т. 3. Частная ампелография. Малораспространенные отечественные и зарубежные сорта винограда* / под ред. А.М. Негруль. Москва; 1966. С.327-330).
- Pelsy F. Molecular and cellular mechanisms of diversity within grapevine varieties. *Heredity*. 2010;104:331-340. DOI: 10.1038/hdy.2009.161
- Pelsy F., Hocquigny S., Moncada X., Barbeau G., Forget D., Hinrichsen P., Merdinoglu D. An extensive study of the genetic diversity within seven French wine grape variety collections. *Theoretical and Applied Genetics*. 2010;120(6):1219-1231. DOI: 10.1007/s00122-009-1250-8
- Regner F., Hack R., Santiago Blanco J.L. Highly variable *Vitis* microsatellite loci for the identification of Pinot Noir clones. *Vitis*. 2006;45(2):85-91. DOI: 10.5073/vitis.2006.45.85-91
- Regner F., Wiedeck E., Stadlbauer A. Differentiation and identification of White Riesling clones by genetic markers. *Vitis*. 2000;39(3):103-107.
- Röckel F. Färberreben (Teinturiers) sowie rote Farbmutanten weißer Qualitätsrebsorten entstanden durch VvmybA-bedingte Mutationen am Beerenfarbokus [dissertation]. Julius Kühn-Institut, Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen; 2017. DOI: 10.5073/dissjki.2017.007
- Rogers S.O., Bendich A.J. Extraction of DNA from milligram amounts of fresh, herbarium and mummified plant tissues. *Plant Molecular Biology*. 1985;19(1):69-76. DOI: 10.1007/BF00020088
- Spotar G.YU., Blinova S.A., Shvartsev A.A., Alekseyev YA., Gorislavets S.M. Features of identification grape varieties and clones of Western European origin. *Magarach. Viticulture and Winemaking*. 2021;23(2):125-133. [in Russian] DOI: 10.35547/IM.2021.23.2.004
- This P., Jung A., Boccacci P., Borrego J., Botta R., Costantini L., Crespan M., Dangi G. S., Eisenheld C., Ferreira-Monteiro F., Grando S., Ibáñez J., Lacombe T., Laucou V., Magalhães R., Meredith C. P., Milani N., Peterlunger E., Regner F., Zulini L., Maul E. Development of a standard set of microsatellite reference alleles for identification of grape cultivars. *Theoretical and Applied Genetics*. 2004;109:1448-1458. DOI: 10.1007/s00122-004-1760-3
- Villano C., Aiese Cigliano R., Esposito S., D'Amelia V., Iovene M., Carputo D., Aversano R. DNA-Based technologies for grapevine biodiversity exploitation: state of the art and future perspectives. *Agronomy*. 2022;12(2):491. DOI: 10.3390/agronomy12020491
- IVVC. Microsatellites by profile. *Vitis International Variety Catalogue IVVC*. Julius Kuhn institut, 2023. Available at: URL: <https://www.vivc.de/index.php?r=eva-analysis-mikrosatelliten-vive%2F-index> [accessed June 01, 2023].

Информация об авторах

Елена Тарасовна Ильницкая, кандидат биологических наук, заведующая лабораторией сортоизучения и селекции винограда, Северо-Кавказский федеральный научный центр садоводства, виноградарства, виноделия (ФГБНУ СКФНЦСВВ), Россия 350901, г. Краснодар, ул. им. 40-летия Победы, 39, ilnitskaya79@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0002-2446-0971>

Марина Викторовна Макаркина, младший научный сотрудник лаборатории сортоизучения и селекции винограда, Северо-Кавказский федеральный научный центр садоводства, виноградарства, виноделия (ФГБНУ СКФНЦСВВ), 350901 Россия, г. Краснодар, ул. им. 40-летия Победы, 39, konec_citatu@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0002-3397-0666>

Рамидин Эфендиевич Казахмедов, доктор биологических наук, заместитель директора по науке, ведущий научный сотрудник, заведующий лабораторией биотехнологии, физиологии и продуктов переработки винограда, Дагестанская селекционная опытная станции виноградарства и овощеводства – филиал Северо-Кавказского федерального научного центра садоводства, виноградарства, виноделия (ДСОСВиО), 368601 Россия, г. Дербент, ул. Вавилова, 9, Республика Дагестан, kre_05@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0002-0613-4662>

Евгений Анатольевич Кожевников, младший научный сотрудник селекционно-биотехнологической лаборатории, Северо-Кавказский федеральный научный центр садоводства, виноградарства, виноделия (ФГБНУ СКФНЦСВВ), 350901 Россия, г. Краснодар, ул. им. 40-летия Победы, 39, zhenya.kozhevnikov.2017@bk.ru, <https://orcid.org/0000-0003-1305-3614>

Татьяна Дмитриевна Козина, младший научный сотрудник лаборатории сортоизучения и селекции винограда, Северо-Кавказский федеральный научный центр садоводства, виноградарства, виноделия (ФГБНУ СКФНЦСВВ), 350901 Россия, г. Краснодар, ул. им. 40-летия Победы, 39, tiaanta@yandex.ru, <https://orcid.org/0000-0003-2908-6461>

Information about the authors

Elena T. Ilnitskaya, Cand. Sci. (Biology), Head of Laboratory, North Caucasian Federal Scientific Center of Horticulture, Viticulture, Winemaking (NCFSCHVW), 39, 40-letiya Pobedy Street, Krasnodar, 350901 Russia, ilnitskaya79@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0002-2446-0971>

Marina V. Makarkina, Junior Research Associate, North Caucasian Federal Scientific Center of Horticulture, Viticulture, Winemaking (NCFSCHVW), 39, 40-letiya Pobedy Street, Krasnodar, 350901 Russia, konec_citatu@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0002-3397-0666>

Ramidin E. Kazahmedov, Dr. Sci. (Biology), Deputy Chief for Science, Leading Research Associate, Head of Biotechnology, Physiology and Grape Processing Products Laboratory, Dagestan Breeding Experimental Station of Viticulture and Vegetable Growing – a branch of the North Caucasus Federal Scientific Center for Horticulture, Viticulture, Winemaking (DBESV&VG), 9, Vavilova Street, Derbent, Republic of Dagestan, 368601 Russia, kre_05@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0002-0613-4662>

Evgeny A. Kozhevnikov, Junior Research Associate, North Caucasian Federal Scientific Center of Horticulture, Viticulture, Winemaking (NCFSCHVW), 39, 40-letiya Pobedy Street, Krasnodar, 350901 Russia, zhenya.kozhevnikov.2017@bk.ru, <https://orcid.org/0000-0003-1305-3614>

Tatiana D. Kozina, Junior Research Associate, North Caucasian Federal Scientific Center of Horticulture, Viticulture, Winemaking (NCFSCHVW), 39, 40-letiya Pobedy Street, Krasnodar, 350901 Russia, tiaanta@yandex.ru, <https://orcid.org/0000-0003-2908-6461>

Вклад авторов: все авторы сделали эквивалентный вклад в подготовку публикации.

Contribution of the authors: the authors contributed equally to this article.

Конфликт интересов: авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

Conflict of interests: the authors declare no conflicts of interests.

Статья поступила в редакцию 20.02.2023; одобрена после рецензирования 05.03.2023; принята к публикации 25.03.2023.

The article was submitted on 20.02.2023; approved after reviewing on 05.03.2023; accepted for publication on 25.03.2023.

Научная статья

УДК 575.133

DOI: 10.30901/2658-6266-2023-1-01



Транскрипционная активность митохондриальных генов у внутривидового и межвидовых гибридов подсолнечника

М. С. Макаренко¹, В. А. Гаврилова²¹Институт проблем передачи информации имени А.А. Харкевича Российской академии наук, Москва, Россия²Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова, Санкт-Петербург, Россия**Автор, ответственный за переписку:** Макаренко Максим Станиславович, mcmakarenko@yandex.ru

Актуальность. Генетическое устройство растительных клеток подразумевает скоординированную работу трех геномов: ядерного, пластидного и митохондриального. Гибридизация между генетически разнородными родителями может приводить к изменениям в сложившемся ядерно-цитоплазматическом балансе, что в свою очередь может влиять на уровень и согласованность экспрессии их генов. Изменения транскрипционной активности генов органелл (в частности митохондрий) при отдаленной (межвидовой) гибридизации остаются мало изученными. **Результаты.** В данном исследовании методом количественной ПЦР была проведена оценка уровня транскрипционной активности митохондриальных генов *atp1*, *atp4*, *atp6*, *atp9*, *nad3*, *nad6*, *cox1*, *cox3* у внутривидового и межвидовых гибридов подсолнечника и их родительских форм из коллекции ВИР. По результатам анализа транскрипционной активности митохондриальные гены можно разделить на три группы: гены с относительно высоким уровнем экспрессии – *atp1*, *atp6*, *nad6*, гены со средним уровнем экспрессии – *atp4*, *cox1*, *cox3* и гены с низким уровнем экспрессии – *atp9*, *nad3*. Сравнительный анализ не показал значимой разницы ($P < 0,05$) между материнскими линиями и гибридами. Экспрессия гена *nad6* в случае *Helianthus argophyllus* (Torg. & A. Gray) была в 2,6 раза выше по сравнению с линиями культурного подсолнечника. **Заключение.** Отсутствие значимых изменений в экспрессии митохондриальных генов как у внутри-, так и у межвидовых гибридов, вероятно, свидетельствует об отсутствии значительных изменений в регуляции ядерно-цитоплазматических взаимодействий у данных гибридов.

Ключевые слова: внутривидовой гибрид, межвидовой гибрид, митохондриальные гены, подсолнечник, экспрессия генов, *Helianthus argophyllus*

Благодарности: Исследование выполнено при финансовой поддержке Российского фонда фундаментальных исследований (РФФИ) в рамках научного проекта № 19-34-60006.

Для цитирования: Макаренко М.С., Гаврилова В.А. Транскрипционная активность митохондриальных генов у внутривидового и межвидовых гибридов подсолнечника. *Биотехнология и селекция растений*. 2023;6(1):13-18. DOI: 10.30901/2658-6266-2023-1-01

Прозрачность финансовой деятельности. Авторы не имеют финансовой заинтересованности в представленных материалах или методах. Авторы благодарят рецензентов за их вклад в экспертную оценку этой работы. Мнение журнала нейтрально к изложенным материалам, авторам и их месту работы.

© Макаренко М.С., Гаврилова В.А., 2023

Original article

DOI: 10.30901/2658-6266-2023-1-01

Transcriptional activity of mitochondrial genes in intraspecific and interspecific sunflower hybrids

Maksim S. Makarenko¹, Vera A. Gavrilova²

¹Institute for Information Transmission Problems of the Russian Academy of Sciences, Moscow, Russia

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

Corresponding author: Maksim S. Makarenko, mcmakarenko@yandex.ru

Relevance. The genetic structure of plant cells implies the coordinated work of three genomes: nuclear, plastid, and mitochondrial. Hybridization between genetically heterogeneous parents can lead to changes in the established nuclear-cytoplasmic balance, which in turn can affect the level and consistency of their gene expression. Changes in the transcriptional activity of organelle genes (in particular, mitochondria) during distant (interspecific) hybridization remain poorly understood. **Results.** The present study employed the qPCR technique to evaluate the transcriptional activity level of the mitochondrial genes *atp1*, *atp4*, *atp6*, *atp9*, *nad3*, *nad6*, *cox1*, and *cox3* in intra- and interspecific sunflower hybrids and their parental forms from the VIR collection. According to the analyzed transcriptional activity of mitochondrial genes, they can be divided into three groups: genes with a relatively high level of expression – *atp1*, *atp6*, and *nad6*, those with a medium level of expression – *atp4*, *cox1*, *cox3*, and genes with a low level of expression – *atp9* and *nad3*. Comparative analysis showed no significant difference ($P < 0.05$) between maternal lines and hybrids. However, the expression of the *nad6* gene in the case of *Helianthus argophyllus* (Torr. & A. Gray) was 2.6 times higher than in the cultivated sunflower lines. **Conclusion.** The absence of substantial changes in the expression of mitochondrial genes both in intra- and interspecific hybrids indicates the lack of significant changes in the regulation of nuclear-cytoplasmic interactions in these hybrids.

Keywords: intraspecific hybrid, interspecific hybrid, mitochondrial genes, sunflower, gene expression, *Helianthus argophyllus*

Acknowledgments: The study was carried out with the financial support of the Russian Foundation for Basic Research (RFBR) within the framework of the research project No. 19-34-60006

For citation: Makarenko M.S., Gavrilova V.A. Transcriptional activity of mitochondrial genes in intraspecific and interspecific sunflower hybrids. *Plant Biotechnology and Breeding*. 2023;6(1):13-18. (In Russ.). DOI: 10.30901/2658-6266-2023-1-01

Financial transparency. The authors have no financial interest in the presented materials or methods. The authors thank the reviewers for their contribution to the peer review of this work. The journal's opinion is neutral to the presented materials, the authors, and their employers.

© Makarenko M.S., Gavrilova V.A., 2023

Введение

Растительные клетки содержат два типа органелл и поэтому их стабильное функционирование зависит от согласованной экспрессии хлоропластных, митохондриальных и ядерных генов (Maréchal, Brisson, 2010; Best et al., 2020). При отдаленной (межвидовой) гибридизации могут наблюдаться изменения в эволюционно сложившемся ядерно-цитоплазматическом балансе, что в свою очередь может влиять на уровень и согласованность экспрессии их генов (Giegé et al., 2005; Knoop et al., 2011). Растительные митохондрии включают сотни различных белков, большинство из которых кодируются ядерными генами. Однако некоторые митохондриальные мультибелковые комплексы являются продуктами активности как ядерных, так и митохондриальных генов (Zancani et al., 2020). В связи с этим для нормального функционирования таких сложных комплексов необходимы механизмы, координирующие экспрессию генов в разных компартаментах клетки (Garmash, 2016). Ретроградные сигналы от митохондрий координируют экспрессию ядерных генов, в то время как антероградные механизмы задействованы при передаче сигналов от ядра к органеллам (Leister, 2012; Bock et al., 2014). Некоторые контуры такой сигнализации идентифицированы, а связанные с ними транскрипционные факторы широко изучены (Kleine, Leister, 2016; Wang et al., 2020; Barreto et al., 2022). Однако изменения ретроградной-антероградной сигнализации в растениях с нарушением ядерно-цитоплазматического взаимодействия при отдаленной (межвидовой) гибридизации, остаются мало изученными.

Цель исследования: оценить уровень транскрипционной активности митохондриальных генов у внутривидового и межвидовых гибридов подсолнечника и их родительских форм.

Материал и методы

Объектом исследования являлись растения внутривидового гибрида *Helianthus annuus* L. (линия 3629 × линия 398941), двух межвидовых гибридов *H. annuus* (ВИР100А, ВИР114А) × *H. argophyllus* подсолнечника. Также родительские формы данных гибридов: три линии *H. annuus* – фертильная линия 3629 и две линии (ВИР100А, ВИР114А) с цитоплазматической мужской стерильностью (ЦМС) типа РЕТ1, дикорастущая форма *H. annuus* (линия 398941), а также *H. argophyllus*. Исследованные виды культурного и дикорастущего подсолнечника являются образцами из коллекции Всероссийского института генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова (ВИР, Санкт-Петербург). Растения выращивали в ростовых комнатах с использованием гидропонных установок Ebb&Grow (GHE, Франция) при постоянной температуре 24°C, относительной влажности воздуха 60%, 16-ти часовом световом дне, полностью искусственном освещении. Были использованы квадратные установки, имею-

щие площадь 1 м² (100x100 см). В каждой установке были установлены 7-ми литровые горшки с кокосовым субстратом, по 8 штук на установку. В каждом горшке выращивали 5-6 растений. Гидропонные установки располагались на специальных столах, называемых: основание передвижное для гидропонных установок тип 2. Внешние габаритные размеры столов (длина x глубина x высота) составляли 2000x850x400 мм. Для освещения ростовой комнаты было использовано девять комплектов светильников, состоящих из лампы Nanolux Summit DE 1000W и двухцокольной лампы Nanolux DE CMH 1000W 4000K. Освещенность измеряли с помощью люксметра Мегеон 21130 (URL: <https://www.megeon-pribor.ru> [дата обращения: 01.02.2023]). Эмпирическое значение освещенности составило 22000-25000 люкс.

Материалом исследования служили листовые пластинки (2-я пара листьев, без жилок) 21 дневных проростков подсолнечника. В каждой линии/гибридной комбинации исследовали три повторности. Каждая повторность представляла собой образец из тканей 10 растений. В случае *H. argophyllus* – только две повторности, в каждой из которых были использованы ткани 8 растений.

Листовые пластинки гомогенизировали с помощью ступки и пестика с применением жидкого азота, затем выделяли РНК с использованием набора для колоночного выделения РНК из растений RNA-Xtrac Plants (Биомедицинские инновации, Россия). Выделенную РНК обрабатывали ДНКазой I (Thermo Fisher Scientific, USA) и проводили реакции обратной транскрипции с помощью набора реактивов MMLV RT kit (Евроген, Россия) с использованием случайных декануклеотидных праймеров. Экспрессию митохондриальных генов *atp1*, *atp4*, *atp6*, *atp9*, *nad3*, *nad6*, *cox1*, *cox3* определяли методом ПЦР в режиме реального времени с использованием прибора AriaMx Real-time PCR System (Agilent, USA) в двух повторностях. Подбор праймеров осуществлялся с помощью программного обеспечения Primer-BLAST (URL: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/tools/primer-blast> [дата обращения: 01.02.2023]) на основе референсного митохондриального генома (accession MN171345.1) с последующей экспериментальной апробацией с использованием градиента температур отжига и анализом ПЦР продуктов методом электрофоретического разделения в агарозном геле. В качестве референсных генов при анализе уровня относительной экспрессии (метод ΔCt) использовали *rps4*, *rpl16* (среднегеометрическое значение их пороговых циклов). Сравнение с контролем (материнские линии 3629, ВИР100А, ВИР114А) проводили методом ΔΔCt, согласно рекомендациям (Bustin et al., 2009), с учетом эффективности ПЦР. Статистическую обработку проводили с использованием U критерия Манна-Уитни с использованием программного пакета RStudio v1.2.5033.

Результаты и обсуждение

Первоочередной задачей исследования был кор-

ректный подбор праймеров для анализа экспрессии генов. Так для каждого гена были подобраны праймеры, отвечающие следующим критериям: отжиг при температуре 60°C, отсутствие нецелевых (побочных) ПЦР продуктов, высокая эффективность реакции (>95%). Результаты подбора праймеров, которые соответствуют всем критериям, представлены в Таблице 1. Выбор митохондриальных генов для анализа экспрессии был сделан не случайно. Эти гены кодируют субъединицы мультибел-

ковых комплексов, находящихся под двойным ядерно-митохондриальным контролем (Bock et al., 2014; Zancani et al., 2020): НАДН-дегидрогеназного комплекса (*nad3*, *nad6*), АТФ-синтазного комплекса (*atp1*, *atp4*, *atp6*, *atp9*), цитохром-с-оксидазы (*cox1*, *cox3*). При этом данные гены не содержат интронов и предположительно являются моноцитронными генами, что делает их наиболее подходящими для оценки уровня экспрессии (Bustin et al., 2009) в рамках текущего исследования.

Таблица 1. Последовательности праймеров для исследования транскрипционной активности митохондриальных генов подсолнечника

Table 1. Primer sequences for the study of transcriptional activity of the sunflower mitochondrial genes

Ген/ Gene	Последовательность прямого праймера/ Forward primer sequences (5'-3')	Последовательность обратного праймера/ Reverse primer sequences (3'-5')	Размер ПЦР продукта/ PCR product size
<i>atp1</i>	CCCATGGCACAGCCAGAATA	CAGAAACGCTCAACTGTGGC	140
<i>atp4</i>	CAAGCCCTCCCGAATGAGTT	CCAAATGCCACTTCTTCCCG	135
<i>atp6</i>	AGAAGTGTAACTGACAACGCA	CCTGAGTCCGAGTCTGCATC	106
<i>atp9</i>	CATTGGGGCAAACGATGCAA	CCTCGATTCAATCCGTGGCT	107
<i>nad3</i>	TCGATCCTTTCGGTGATGCC	TGAGAGGTAAGTCCCAAGGA	117
<i>nad6</i>	TGGGAGGTCGGGGTATTCAA	CAAGCCTGGACCCGCTATAC	94
<i>cox1</i>	TCCCATGCCTTCTTGGTTCG	GTGGAGAACAGCCATCGGAC	131
<i>cox3</i>	TGCGGTTTTAGATCCTCGGG	AGAGCCAGTGAAACGGTAGC	150
<i>rps4</i>	CACGTGAGGGATGTGACCTA	TTTGACCTCTTGCTCCACCC	145
<i>rpl16</i>	CTACGGGTTGGATTGCTCGT	GCTAATGTAGCGGCTTGTCG	94

Полученные в ходе исследования значения относительной экспрессии генов (ΔCt) приведены в таблице 2. Согласно результатам анализа транскрипционной активности митохондриальных генов можно их разделить на три условные группы: гены с относительно высоким

уровнем экспрессии – *atp1*, *atp6*, *nad6*, средним – *atp4*, *cox1*, *cox3* и низким – *atp9*, *nad3*. Важно отметить, что все исследуемые гены имели экспрессию выше, чем гены рибосомных белков (*rps4*, *rpl16*), которые использовались для нормализации экспрессии.

Таблица 2. Средние значения относительной экспрессии митохондриальных генов (ΔCt) и значения стандартного отклонения у исследованных линий и гибридов подсолнечника

Table 2. Mean values of relative expression (ΔCt) of mitochondrial genes with standard deviations in studied lines and hybrids

Ген/ Gene	Линия/ гибрид Line/ hybrid							
	3629	398941	ВИР100А	ВИР114А	<i>H. argophyllus</i>	3629 x 398941	ВИР100А × <i>H. argophyllus</i>	ВИР114А × <i>H. argophyllus</i>
<i>atp1</i>	5.46±0.35	5.5±0.3	5.48±0.38	5.52±0.35	5.67±0.44	5.38±0.37	5.45±0.25	5.49±0.31
<i>atp4</i>	3.87±0.45	3.82±0.46	3.99±0.3	3.7±0.5	3.75±0.53	3.86±0.41	3.42±0.47	3.63±0.39
<i>atp6</i>	7.12±0.73	7.76±0.68	7.46±0.35	7.48±0.54	7.93±0.45	8.03±0.9	7.57±0.52	7.17±0.31

Ген/ Gene	Линия/ гибрид Line/ hybrid							
	3629	398941	ВИР100А	ВИР114А	<i>H. argophyllus</i>	3629 x 398941	ВИР100А × <i>H. argophyllus</i>	ВИР114А × <i>H. argophyllus</i>
<i>atp9</i>	2.63±0.21	2.9±0.29	2.85±0.27	2.63±0.21	2.79±0.23	2.81±0.26	3.02±0.31	2.93±0.27
<i>nad3</i>	2.46±0.23	2.48±0.42	2.44±0.31	2.58±0.25	2.33±0.34	2.37±0.29	2.46±0.37	2.61±0.38
<i>nad6</i>	5.18±0.47	4.65±0.4	5.07±0.53	5±0.37	6.49±0.33	5.33±0.11	5.32±0.41	5.18±0.64
<i>cox1</i>	4.21±0.61	4.19±0.47	4.31±0.4	4.25±0.36	4.06±0.55	4.27±0.32	4.14±0.46	4.14±0.55
<i>cox3</i>	3.41±0.25	3.52±0.29	3.76±0.26	3.6±0.31	3.8±0.29	3.14±0.24	3.52±0.3	3.26±0.27

Сравнительный анализ не показал значимой разницы ($P < 0,05$) между материнскими линиями и гибридами. Более того, экспрессия генов не отличалась и у родительских форм (3629, 398941, ВИР100А, ВИР114А, *H. argophyllus*) за исключением гена *nad6*. Экспрессия гена *nad6* в случае *H. argophyllus* был в 2,6 раза выше, по сравнению со средним значением транскрипционной активности *nad6* у линий культурного подсолнечника (3629, ВИР100А, ВИР114А).

На сегодняшний день крайне немного работ посвящено изучению процессов происходящих с митохондриальными геномами растений и, в частности, экспрессией генов, при внутри- и межвидовой гибридизации. В случае отдаленной гибридизации у растений может наблюдаться реорганизация в структуре митохондриальной ДНК (Gualberto et al., 2014; Morley, Nielsen, 2017), или смена характера наследования (Makarenko, Gavrilova, 2023; Park et al., 2021) митохондриального генома. В других случаях межвидовая гибридизация не приводит к каким либо изменениям (Chevigny et al., 2020; Makarenko, Gavrilova, 2023) в митохондриальных геномах. Так в наших исследованиях было показано (неопубликованные данные), что митохондриальный геном у межвидового гибрида ВИР114А × *H. argophyllus* полностью соответствует материнской линии ВИР114А. Однако по наличию или отсутствию изменений в структуре митохондриального генома не всегда возможно судить о функциональных изменениях (уровне экспрессии генов), что требует дополнительных исследований. В данном исследовании показано отсутствие значимых изменений в уровне экспрессии митохондриальных генов как у внутри-, так и у межвидовых гибридов. В свою очередь, это может свидетельствовать об отсутствии значительных изменений в регуляции ядерно-цитоплазматических взаимодействий у данных гибридов. Гибридизацию культурного подсолнечника (*H. annuus*) с *H. argophyllus* проводят в селекционных целях, используя последний в качестве донора ценных признаков (Barb et al., 2014; Sujatha, Lakshminarayana, 2007), а также для получения новых источников цито-

плазматической мужской стерильности (Meena et al., 2020). При этом часто межвидовая (и даже внутривидовая) гибридизация могут негативно сказываться на гибридах первого и/или последующих поколений, в том числе из-за изменений ядерно-цитоплазматических взаимодействий (Bohra et al., 2016; Chang et al., 2016). Предположение об отсутствии подобных изменений, выдвинутое в данном исследовании, свидетельствуют о том, что *H. argophyllus* имеет большой потенциал для гибридизации с культурным подсолнечником.

Таким образом, проведена оценка уровня транскрипционной активности митохондриальных генов *atp1*, *atp4*, *atp6*, *atp9*, *nad3*, *nad6*, *cox1*, *cox3* у внутривидового и межвидовых гибридов подсолнечника и их родительских форм. Сравнительный анализ не показал значимой разницы ($P < 0,05$) в уровне экспрессии данных митохондриальных генов между материнскими линиями и гибридами. Экспрессия гена *nad6* в случае *H. argophyllus* был в 2,6 раза выше по сравнению с линиями культурного подсолнечника.

Список литературы

- Barb J.G., Bowers J.E., Renaut S., Rey J.I., Knapp S.J., Rieseberg L.H., Burke J.M. Chromosomal evolution and patterns of introgression in *Helianthus*. *Genetics*. 2014;197:969-979. DOI: 10.1534/genetics.114.165548
- Barreto P., Dambire C., Sharma G., Vicente J., Osborne R., Yassitepe J., Gibbs D.J., Maia I.G., Holdsworth M.J., Arruda P. Mitochondrial retrograde signaling through UCPI-mediated inhibition of the plant oxygen-sensing pathway. *Current Biology*. 2022;32:1403-1411.e4. DOI: 10.1016/j.cub.2022.01.037
- Best C., Mizrahi R., Ostersezer-Biran O. Why so complex? The intricacy of genome structure and gene expression, associated with angiosperm mitochondria, may relate to the regulation of embryo quiescence or dormancy – intrinsic blocks to early plant life. *Plants*. 2020;9:598. DOI: 10.3390/plants9050598
- Bock D.G., Andrew R.L., Rieseberg L.H. On the adaptive value of cytoplasmic genomes in plants. *Molecular Ecology*. 2014;23:4899-4911. DOI: 10.1111/mec.12920
- Bohra A., Jha U.C., Adhimooolam P., Bisht D., Singh N.P. Cytoplasmic male sterility (CMS) in hybrid breeding in field crops. *Plant Cell Reports*. 2016;35:967-993. DOI: 10.1007/s00299-016-1949-3
- Bustin S.A., Benes V., Garson J.A., Hellems J., Huggett J.,

- Kubista M., Mueller R., Nolan T., Pfaffl M.W., Shipley G.L., Vandesompele J., Wittwer C.T. The MIQE Guidelines: Minimum Information for Publication of Quantitative Real-Time PCR Experiments. *Clinical Chemistry*. 2009;55:611-622. DOI: 10.1373/clinchem.2008.112797
- Chang C.C., Rodriguez J., Ross J. Mitochondrial – Nuclear Epistasis Impacts Fitness and Mitochondrial Physiology of Interpopulation *Caenorhabditis briggsae* Hybrids. *G3 Genes|Genomes|Genetics*. 2016;6:209-219. DOI: 10.1534/g3.115.022970
- Chevigny N., Schatz-Daas D., Lotfi F., Gualberto J.M. DNA Repair and the Stability of the Plant Mitochondrial Genome. *International Journal of Molecular Sciences*. 2020;21(1):328. DOI: 10.3390/ijms21010328
- Garmash E.V. Mitochondrial respiration of the photosynthesizing cell. *Russian Journal of Plant Physiology*. 2016;63:13-25. DOI: 10.1134/S1021443715060072
- Giegé P., Sweetlove L.J., Cognat V., Leaver C.J. Coordination of Nuclear and Mitochondrial Genome Expression during Mitochondrial Biogenesis in Arabidopsis. *The Plant Cell*. 2005;17:1497-1512. DOI: 10.1105/tpc.104.030254
- Gualberto J.M., Mileshina D., Wallet C., Niazi A.K., Weber-Lotfi F., Dietrich A. The plant mitochondrial genome: Dynamics and maintenance. *Biochimie*. 2014;100:107-120. DOI: 10.1016/j.biochi.2013.09.016
- Kleine T., Leister D. Retrograde signaling: Organelles go networking. *Biochimica et Biophysica Acta (BBA) - Bioenergetics*. 2016;1857:1313-1325. DOI: 10.1016/j.bbabi.2016.03.017
- Knoop V., Volkmar U., Hecht J., Grewe F. Mitochondrial Genome Evolution in the Plant Lineage. In: Kempken F. (ed). *Plant Mitochondria*. Springer, New York, NY; 2011. p.3-29. (Advances in Plant Biology (AIPB); vol. 1). DOI: 10.1007/978-0-387-89781-3_1
- Leister D. Retrograde signaling in plants: from simple to complex scenarios. *Frontiers in Plant Science*. 2012;3:135. DOI: 10.3389/fpls.2012.00135
- Makarenko M.S., Gavrilova V.A. NGS Reads Dataset of Sunflower Interspecific Hybrids. *Data*. 2023;8:67. DOI: 10.3390/data8040067
- Maréchal A., Brisson N. Recombination and the maintenance of plant organelle genome stability. *The New Phytologist*. 2010;186:299-317. DOI: 10.1111/j.1469-8137.2010.03195.x
- Meena H.P., Sujatha M., Pushpa H.D., Lai J.J. Cytomorphological and molecular characterization of inter-specific hybrid between cultivated sunflower and *Helianthus argophyllus*. *Journal of Environmental Biology*; 2020;41:66-72. DOI: 10.22438/jeb/41/1/ MRN-1116
- Morley S.A., Nielsen B.L. Plant mitochondrial DNA. *Frontiers in Bioscience (Landmark Edition)*. 2017;22:1023-1032. DOI: 10.2741/4531
- Park H.S., Lee W.K., Lee S.C., Lee H.O., Joh H.J., Park J.Y., Kim S., Song K., Yang T.J. Inheritance of chloroplast and mitochondrial genomes in cucumber revealed by four reciprocal F1 hybrid combinations. *Scientific Reports*. 2021;11:2506. DOI: 10.1038/s41598-021-81988-w
- Sujatha M., Lakshminarayana M. Resistance to *Spodoptera litura* (Fabr.) in *Helianthus* species and backcross derived inbred lines from crosses involving diploid species. *Euphytica*. 2007;155:205-213. DOI: 10.1007/s10681-006-9322-1
- Wang Y., Selinski J., Mao C., Zhu Y., Berkowitz O., Whelan J. Linking mitochondrial and chloroplast retrograde signalling in plants. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences*. 2020;375:20190410. DOI: 10.1098/rstb.2019.0410
- Zancani M., Braidot E., Filippi A., Lippe G. Structural and functional properties of plant mitochondrial F-ATP synthase. *Mitochondrion* 2020;53:178-193. DOI: 10.1016/j.mito.2020.06.001

Информация об авторах

Максим Станиславович Макаренко, кандидат биологических наук, научный сотрудник, Лаборатория №19 (Геномики растений), Институт проблем передачи информации имени А.А. Харкевича Российской академии наук, Россия 127051, г. Москва, Большой Каретный пер. 19, строение 1, mcmakarenko@yandex.ru, <https://orcid.org/0000-0002-0629-3874>

Вера Алексеевна Гаврилова, доктор биологических наук, главный научный сотрудник, Отдел генетических ресурсов масличных и прядильных культур, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова (ВИР), 190000 Россия, г. Санкт-Петербург, ул. Большая Морская, 42, 44, v.gavrilova@vir.nw.ru, <https://orcid.org/0000-0002-8110-9168>

Information about the authors

Maksim S. Makarenko, Cand. Sci. (Biology), Researcher, Laboratory of Plant Genomics, Institute for Information Transmission Problems of the Russian Academy of Sciences, 19, Bolshoy Karetny Pereulok, Building 1, Moscow, 127051, Russia, mcmakarenko@yandex.ru, <https://orcid.org/0000-0002-0629-3874>

Vera A. Gavrilova, Dr. Sci. (Biology), Chief Researcher, Department of Oil and Fiber Crops Genetic Resources, N.I. Vavilov Institute of Plant Genetic Resources (VIR), 42, 44, Bolshaya Morskaya Street, St. Petersburg, 190000 Russia, v.gavrilova@vir.nw.ru, <https://orcid.org/0000-0002-8110-9168>

Вклад авторов: все авторы сделали эквивалентный вклад в подготовку публикации.

Contribution of the authors: the authors contributed equally to this article.

Конфликт интересов: авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

Conflict of interests: the authors declare no conflicts of interests.

Статья поступила в редакцию 31.01.2023; одобрена после рецензирования 03.03.2023; принята к публикации 24.03.2023.

The article was submitted on 31.01.2023; approved after reviewing on 03.03.2023; accepted for publication on 24.03.2023.

Научная статья

УДК 575.224.46:633.15:575.22

DOI: 10.30901/2658-6266-2023-1-02



Создание дигаплоидных линий кукурузы *Zea mays* L. методом ресинтеза из тетраплоидной популяции

А. В. Ульянов¹, Д. С. Куцев¹, В. В. Васипов¹, Х. Р. Мамадова², М. Ю. Хакулова¹, С. Ф. Исрафилова¹,
М. Р. Фирсова¹, А. В. Карлов¹, Э. Б. Хатефов¹

¹Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова, Санкт-Петербург, Россия

²Азербайджанский научно-исследовательский институт земледелия, Баку, Азербайджан

Автор, ответственный за переписку: Эдуард Балилович Хатефов, haed1967@rambler.ru

Поиск новых, эффективных методов расширения генетического полиморфизма исходного селекционного материала остается одной из важных проблем селекции гибридной кукурузы. Мировая селекция коммерческих сортов и гибридов *Zea mays* L. ведется на диплоидных генотипах, тогда как тетраплоидные источники исходного материала кукурузы и её дикие сородичи слабо вовлекаются в селекционный процесс. Прямые гетероплоидные скрещивания между диплоидными и тетраплоидными генотипами приводят к формированию слабо фертильных либо полностью стерильных триплоидных гибридов, которые цитологически нестабильны в последующих репродукциях. Тетраплоидная кукуруза ($2n=40$), как и ее некоторые дикие сородичи с тетраплоидным геномом *Zea perennis* Hitchk. ($2n=40$) и *Tripsacum dactiloides* (L.) L. ($2n=72$), привлекательны для селекционеров как источники для улучшения хозяйственно ценных признаков. Привлекательность ресинтезированных диплоидных линий объясняется тем, что у тетраплоидов в результате неравного кроссинговера между гомологичными хромосомами, образующими поливалентные ассоциации хромосом, накапливается больше хромосомных перестроек, чем у диплоидных генотипов, хромосомы у которых образуют биваленты. Тетраплоидные синтетические популяции кукурузы и её тетраплоидные дикие сородичи обладают большим потенциалом изменчивости для улучшения диплоидной кукурузы. Авторами предложен прямой метод ресинтеза дигаплоидных линий с помощью гаплоиндукции и косвенный метод получения диплоидных линий путём гетероплоидного скрещивания и последующего расщепления гибридного потомства триплоидного гибрида. Метод ресинтеза диплоидного генома кукурузы из тетраплоидного служит идеальной моделью для изучения процессов кроссинговера между гомологичными хромосомами при их мультивалентных ассоциациях в мейозе; он перспективен для получения диплоидных линий с повышенной частотой рекомбинации между гомологичными хромосомами разных геномов, объединенных в один общий, а также может служить источником получения серии анеуплоидов.

Ключевые слова: хромосома, квадριвалент, бивалент, гаплоид, дигаплоид, редиплоид, полиплоид

Благодарности: Работа проводилась в рамках тематического плана ВИР по проекту № FGEM-2022-0009 «Структурирование и раскрытие потенциала наследственной изменчивости мировой коллекции зерновых и крупяных культур ВИР для развития оптимизированного генбанка и рационального использования в селекции и растениеводстве».

Для цитирования: Ульянов А.В., Куцев Д.С., Васипов В.В., Мамадова Х.Р., Хакулова М.Ю., Исрафилова С.Ф., Фирсова М.Р., Карлов А.В., Хатефов Э.Б. Создание дигаплоидных линий кукурузы *Zea mays* L. методом ресинтеза из тетраплоидной популяции. *Биотехнология и селекция растений*. 2023;6(1):19-31. DOI: 10.30901/2658-6266-2023-1-02

Прозрачность финансовой деятельности. Авторы не имеют финансовой заинтересованности в представленных материалах или методах. Авторы благодарят рецензентов за их вклад в экспертную оценку этой работы. Мнение журнала нейтрально к изложенным материалам, авторам и их месту работы.

© Ульянов А.В., Куцев Д.С., Васипов В.В., Мамадова Х.Р., Хакулова М.Ю., Исрафилова С.Ф., Фирсова М.Р., Карлов А.В., Хатефов Э.Б., 2023

Original article

DOI: 10.30901/2658-6266-2023-1-o2

Creation of doubled haploid lines of maize *Zea mays* L. by resynthesis from a tetraploid population

Alexey V. Ulyanov¹, Denis S. Kutsev¹, Vladimir V. Vasipov¹, Khalima R. Mamadova², Milana Yu. Khakulova¹, Selminaz F. Israfilova¹, Milana R. Firsova¹, Andrey V. Karlov¹, Eduard B. Khatefov¹

¹N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources, Russia

²Azerbaijan Sciences Research Institute of Agriculture, Baku, Azerbaijan

Corresponding author: Eduard B. Khatefov, haed1967@rambler.ru

The search for new, effective methods for broadening the genetic polymorphism of the original breeding material remains one of the important problems of hybrid maize breeding. Globally, breeding of commercial maize varieties and hybrids is carried out using diploid genotypes, whereas tetraploid sources of initial material and wild relatives of maize are poorly involved in the breeding process. The direct heteroploid crosses between diploid and tetraploid genotypes lead to the formation of weakly fertile or completely sterile triploid hybrids, which are cytologically unstable in subsequent generations. Tetraploid maize ($2n=40$), as well as some wild relatives with tetraploid genome, such as *Zea perennis* Hitchk. ($2n=40$) and *Tripsacum dactyloides* (L.) L. ($2n=72$), are attractive to breeders as sources for improving economically valuable traits. The attractiveness of rediploid lines is due to the fact that they originate from tetraploids, which accumulate more chromosome rearrangements as a result of unequal crossingover between homologous chromosomes forming polyvalent chromosomal associations, rather than diploid lines in which chromosomes form only bivalents. Synthetic tetraploid populations of maize and its tetraploid wild relatives have great potential of variability for improving diploid maize. The authors proposed a direct method for the resynthesis of doubled haploid lines using haploid induction and an indirect method for obtaining diploid lines by heteroploid crossing and subsequent segregation of a triploid hybrid in the progeny. The method of resynthesizing the tetraploid maize genome to diploid serves as an ideal model for studying the processes of crossing over in meiosis between multivalent associations of homologous chromosomes; it is promising for obtaining diploid lines with an increased frequency of recombination between the homologous chromosomes of different genomes, combined into a common one, and can serve as a source for obtaining aneuploid series.

Keywords: chromosome, quadrivalent, bivalent, haploid, doubled haploid, rediploid, polyploid

Acknowledgments: The work was carried out within the framework of the VIR thematic plan under project No. FGEM-2022-0009 “Structuring and unlocking the potential of hereditary variability of the global collection of cereal and grain crops of VIR for the development of an optimized gene bank and rational use in breeding and crop production”.

For citation: Ulyanov A.V., Kutsev D.S., Vasipov V.V., Mamadova Kh.R., Khakulova M.Yu., Israfilova S.F., Firsova M.R., Karlov A.V., Khatefov E.B. Creation of doubled haploid lines of maize *Zea mays* L. by resynthesis from a tetraploid population. *Plant Biotechnology and Breeding*. 2023;6(1):19-31. (In Russ.). DOI: 10.30901/2658-6266-2023-1-o2

Financial transparency. The authors have no financial interest in the presented materials or methods. The authors thank the reviewers for their contribution to the peer review of this work. The journal's opinion is neutral to the presented materials, the authors, and their employers.

© Ulyanov A.V., Kutsev D.S., Vasipov V.V., Mamadova Kh.R., Khakulova M.Yu., Israfilova S.F., Firsova M.R., Karlov A.V., Khatefov E.B., 2023

Словарь использованных терминов

Редиплоид – диплоидная линия, полученная путем ресинтеза из полиплоидной формы

Дигаплоид – линия, полученная методом удвоения генома гаплоидного растения

Редигаплоид – линия, полученная путем ресинтеза гаплоидной формы из полиплоидной с последующим удвоением гаплоидного генома до диплоидного

Введение

Кукуруза (*Zea mays* L.) – одна из важнейших зерновых культур в мире. Доля кукурузы в мировом зерновом балансе составляет более 30%. В 2017 году мировой рынок кукурузы составил 1112 млн тонн зерна, при этом средний доход производителей этой культуры вырос на 3,4% за последние десять лет (Ministry of Agriculture of the Russian Federation, 2020). На протяжении последних трёх лет в России наблюдается рост объемов производства кукурузы на зерно.

Установлено, что разнообразие растений коррелирует с высокой степенью изменчивости общего размера генома, уровня плоидности и числа хромосом (Bennett, Leitch, 2003; Kellogg, Bennetzen, 2004). Размер генома *Z. mays* составляет 2,3 миллиарда пар оснований (Schnable et al., 2009). При этом не менее 85% всего генома приходится на долю различных мобильных элементов. В настоящее время генетическое разнообразие возделываемой кукурузы, представленной в производстве в основном инбредными линиями и их гибридами различной степени сложности, значительно меньше, чем было во времена широкого внедрения гибридов в производство. Снижение генетического разнообразия кукурузы как культуры неизбежно влечет за собой возрастание генетической уязвимости вида.

Исторически сложилось так, что подавляющее большинство линий первого цикла гибридной селекции было заложено на сортах ‘Lancaster’, ‘Iowa Dent’ и синтетической популяции Iowa Stiff Stock Synthetic (SSS), которые были широко распространены в начале прошлого века в «кукурузном поясе» США. Синтетическая популяция Iowa Stiff Stock Synthetic, ставшая основой для гетерозисной группы SSS, создана Джорджем Спрэггом в Университете штата Айова в 1930-х годах и состоит из 16 инбредных линий, выделенных из сорта ‘Reid’s Yellow Dent’ с последующими несколькими циклами возвратной селекции (Troyer, 1999). В процессе селекции линий второго и особенно третьего поколений были использованы лучшие гибриды от скрещиваний этих источников, что значительно сузило генетическое разнообразие получаемых популяций. Этот процесс усугублялся жёстким инбридингом, отбором по хозяйственно ценным признакам и подбором родительских линий с повышенной комбинационной способностью, что привело к резкому сужению генетического полиморфизма у коммерческих сортов

и гибридов кукурузы (Shcherbak, 1984).

Поиск эффективных методов, способствующих расширению генетического полиморфизма исходного селекционного материала, был, есть и остается актуальным для продолжения увеличения урожайности гибридной кукурузы в производственных посевах. В задачи селекционеров входит улучшение исходного селекционного материала по генам хозяйственно ценных признаков, накопленных в геноме исходного материала в результате предшествующей селекции, и сохранение комбинационной способности в отношении аллелей этих генов. Игнорирование этих генетических основ селекции может привести к снижению уровня гетерозиса гибридной кукурузы, что приведет к снижению темпов роста валовых сборов урожая.

Существует множество способов увеличения полиморфизма исходного селекционного материала, включая индуцированный мутагенез, отдалённую и близкородственную гибридизацию, автополиплоидию и аллополиплоидию, каждый из которых имеет свои преимущества и недостатки (te Beest et al., 2012). Метод создания полиплоидных рядов не нашёл широкого применения в случае кукурузы по причине снижения зерновой продуктивности полиплоидных аналогов вследствие нарушения процессов мейоза, вызывающих стерильность части пыльцевых зёрен и яйцеклеток (Shcherbak, Khatefov, 2000; Khatefov, 2012). Представители полиплоидных рядов *Z. mays*, как и её тетраплоидные дикие сородичи (*Zea perennis* Hitchk.), могут оказаться ценным исходным материалом для создания улучшенных диплоидных линий с целью вовлечения их в гибридную селекцию на уровне диплоидных генотипов. Не менее перспективны для редиплоидизации и аллополиплоиды, полученные с участием диких сородичей кукурузы.

Ресинтез диплоидных линий из тетраплоидного селекционного материала можно охарактеризовать как переход организма из полиплоидного состояния обратно в диплоидное после одного или нескольких циклов репродукции. Процесс редиплоидизации может происходить в природе спонтанно, либо быть индуцирован в результате селекционной проработки исходного материала. В зависимости от способа индуцирования редиплоидные линии могут иметь либо генотип, гомологичный исходному родительскому генотипу, либо гибридный. Редиплоидные линии с генотипом, идентичным родительскому, характеризуются сохранением исходного родительского генома. В таких линиях, изменения и перестройки происходят между гомологичными хромосомами с набором генов одного родителя. У редиплоидных линий гибридного происхождения обмена осуществляются между гомологичными хромосомами с различным набором аллелей одних и тех же генов, пришедших от обеих родительских форм.

Практическое получение диплоидных линий путем разложения тетраплоидных популяций было осуществлено Э.Б. Хатефовым в 2010 году (Khatefov, 2017). Метод ресинтеза диплоидной кукурузы из тетрапло-

идной популяции с использованием гаплоиндукторов, а именно получение дигаплоидов, впервые был предложен Э.Б. Хатефовым и О.А. Шацкой (Khatefov, Shatskaya, 2008), а первые коммерческие дигаплоидные линии, использованные в гибридной селекции, получены и испытаны Э.Б. Хатефовым с соавторами (Khatefov et al., 2019).

Традиционно, мировая селекция кукурузы ведется на диплоидном уровне, и генетический потенциал её тетраплоидных культурных и диких сородичей не может быть вовлечён в селекционные программы из-за барьера нескрещиваемости, либо полной или частичной стерильности триплоидного потомства. В этой связи основной задачей расширения генетического полиморфизма кукурузы является поиск возможных путей вовлечения всего генофонда тетраплоидной кукурузы и её диких сородичей в гибридную селекцию во избежание рисков генетической эрозии.

Цель исследований – поиск новых методов расширения генетического полиморфизма кукурузы путём вовлечения генетического потенциала тетраплоидных популяций и тетраплоидных диких сородичей в гибридную селекцию на диплоидном уровне.

Материал и методы

Исследования проведены в период 2008-2015 гг. в Институте сельского хозяйства Кабардино-Балкарского центра РАН (ИСХ КБНЦ РАН). Материалом для исследований служили тетраплоидная популяция МРПП22 (к-23427) и диплоидная инбредная линия кукурузы (к-23425), а также тетраплоидный и диплоидный гаплоиндукторы кукурузы ЗМК1 селекции Национального центра зерна им. П.П. Лукьяненко. Оба индуктора представляют собой линии, поддерживаемые сестринскими скрещиваниями (сибсы). Для определения плоидности растений использовали диплоидный тестер (к-23425) и тетраплоидный тестер (к-23427). Посев, гибридизацию, размножение гибридного потомства осуществляли на селекционном участке Научно-производственного объединения НАРТАН, (НПО НАРТАН) расположенном в предгорной зоне Кабардино-Балкарской Республики. Гибридизацию и размножение разных генотипов кукурузы осуществляли в полевых условиях, с использованием пергаментных изоляторов; ранжирование гаплоидных и редиплоидных зерновок из гибридных зерен, завязавшихся на початке, проводили в лабораторных условиях. Перед цветением триплоидных растений кукурузы, метёлки и початки (мужские и женские соцветия) изолировали пергаментными изоляторами. Во время цветения, в утренние часы, с триплоидной метёлки собирали пыльцу и проводили опыление предварительно изолированного початка на том же триплоидном растении (самоопыление, инцухт); опылённый початок снова закрывали изолятором и снабжали этикеткой с указанием типа опыления и даты совершения процедуры. Для удвоения числа

хромосом у гаплоидных растений использовали раствор колхицина согласно методу получения дигаплоидных линий кукурузы (Deimling et al., 1997; Khatefov, Asadova, 2019). Для определения плоидности растений и достоверного выявления дигаплоидов в расщепляющемся потомстве триплоидов использовали тесткроссы с диплоидным (2n, к-23425) и тетраплоидным (4n, к-23427) тестерами. Для этого разделяли пыльцу анализируемых растений на три равные части. Первую часть пыльцы использовали для инцухта, а вторую и третью части в тесткроссах с 2n- и 4n- тестерами кукурузы. Для цитологического анализа использовали меристематические клетки кончиков корешков. Хромосомы окрашивали по Фельгену (Pausheva, 1988) реактивом Шиффа при холодном гидролизе. Мацерацию тканей осуществляли пектиназой от *Aspergillus niger* van Tieghem 1867. Хромосомные числа образцов определяли с помощью световой микроскопии в проходящем свете. Для каждого образца кукурузы подсчитывали число хромосом на 15 метафазных пластинках под микроскопом Olympus CX43 (Olympus Optical Co., Ltd, Япония) в проходящем свете при 1600-кратном увеличении с масляной иммерсией. Фотографии метафазных пластинок получали с помощью фотокамеры Oplenic PSC-600-15C (B51) (Oplenic Corp., Hang Zhou, China) при соединённой к микроскопу.

Результаты

Процесс получения дигаплоидных линий кукурузы из тетраплоидных популяций возможен прямым и косвенным методами (таблица).

Суть прямого метода заключается в получении дигаплоидных линий из тетраплоидных генотипов с участием диплоидных и тетраплоидных гаплоиндукторов. В результате применения этого метода селекционер создает ресинтезированные из тетраплоидного генома диплоидные (дигаплоидные) линии, генотип которых идентичен исходному источнику. Косвенный метод заключается в скрещивании тетраплоидного растения с любой диплоидной линией и формировании триплоидного потомства. Расщепляющееся по плоидности потомство самоопылённого триплоида используют далее для получения дигаплоидных линий, в кариотипах которых будут присутствовать хромосомы обеих родительских форм в различных комбинациях. Рассмотрим каждый метод по отдельности.

Прямой метод. При использовании прямого метода мы получали дигаплоидные линии с помощью диплоидного и тетраплоидного гаплоиндукторов кукурузы. Для этого на первом этапе скрестили тетраплоидное материнское растение с тетраплоидным гаплоиндуктором и получили на початке диплоидные зерновки. На втором этапе растения, выращенные из этих диплоидных зерновок, скрестили с диплоидным гаплоиндуктором и получили на початках гаплоидные зерновки. На третьем этапе все гаплоидные проростки, полученные из гаплоидных зер-

новок, обработали колхицином в соответствии с методикой получения дигаплоидных линий кукурузы (рис. 1), и в результате были получены первые такие линии методом ресинтеза из тетраплоидной популяции.

Таблица. Схема получения дигаплоидных линий кукурузы прямым и косвенным методами ресинтеза из тетраплоидных популяций по годам

Table. Flow chart of obtaining doubled haploid maize lines by direct and indirect methods of resynthesis from tetraploid populations, year-wise

Годы/ years	Метод/ Method	
	Прямой/ Direct	Косвенный/ Indirect
1	♀ Тетраплоид (4n) × ♂ Гаплоиндуктор (4n) ↓ Диплоид (2n)	♀ Диплоид (2n) × ♂ Тетраплоид (4n) ↓ Гибрид (3n)
2	Диплоид (2n) × ♂ Гаплоиндуктор (2n) ↓ Гаплоид (1n)	Гибрид (3n) + инкухт ↓ Расщепление (4n + 3n + 2n + Xn)
3	Гаплоид (1n) + колхицинирование ↓ Дигаплоидная линия (2n)	Диплоид (2n) × ♂ Гаплоиндуктор (2n) ↓ Гаплоид (1n)
4		Гаплоид (1n) + колхицинирование ↓ Дигаплоидная линия (2n)

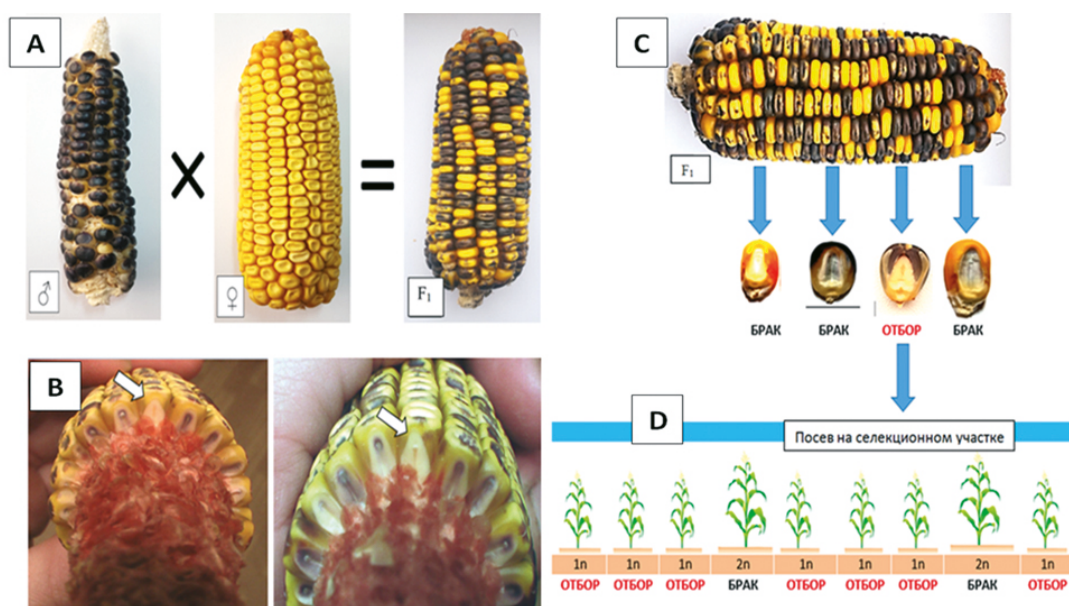


Рис. 1. Схема получения гаплоидных зерновок кукурузы с использованием гаплоиндукторов

Отбор гаплоидов ведется по наличию маркера антоциановой окраски на гибридных зерновках, полученных от скрещивания донора с гаплоиндуктором и его отсутствию на зародышах. А – схема гибридизации донора и гаплоиндуктора; В – гаплоидные зерновки с немаркированным зародышем на фоне гибридных диплоидных зерновок; С – разные типы маркерной окраски выбракованных гибридных диплоидных зерновок в сравнении с окраской отобранных гаплоидных зерновок; D – фенотипическая характеристика гаплоидных и диплоидных растений по габитусу и выбраковка высокорослых диплоидных растений

Fig. 1. Scheme of producing haploid maize kernels using haploid inducers

The selection of haploid kernels is based on the presence of anthocyanin pigmentation in hybrid kernels from a cross of a donor with a haploid inducer, and its absence in embryos. A – scheme of hybridization between a donor and a haploid inducer; B – haploid kernels with unmarked embryo against the background of hybrid diploid kernels; C – different marker pigmentation of culled hybrid diploid kernels compared to that of selected haploid ones; D – phenotypic characterization of haploid and diploid plants according to their habitus and culling of tall diploid plants

Для облегчения ранжирования гаплоидных и гибридных диплоидных зерновок использовали гаплоиндукторы с маркерным доминантным геном антоциановой окраски зерновки и зародыша *RI-nj* (Khadzhinov, Chumak, 1978).

При отсутствии у селекционера тетраплоидного гаплоиндуктора можно использовать гетероплоидное

скрещивание, заменив тетраплоидный гаплоиндуктор на диплоидный, однако выделить гаплоидные зерновки среди гибридных триплоидных шуплых зерновок без эндосперма затруднительно (рис. 2), в отличие от диплоидных и тетраплоидных, которые хорошо идентифицируются по верхней части перикарпа зерновки.

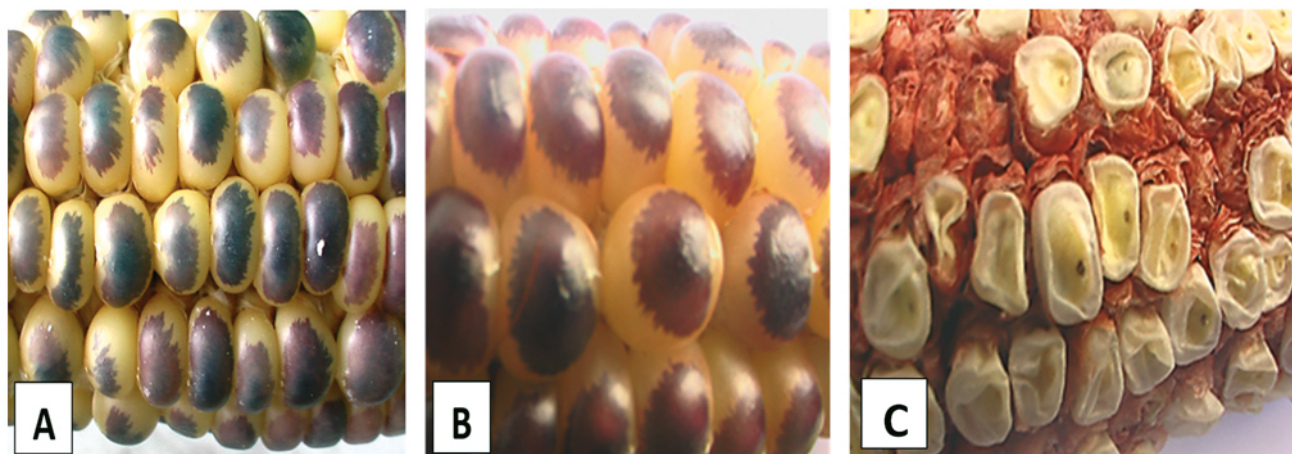


Рис. 2. Фенотипическое проявление маркерного гена *RI-nj* на верхней части перикарпа зерновки у диплоидного (А), тетраплоидного (В) и триплоидного (С) доноров

Fig. 2. Phenotypic manifestation of the *RI-nj* dominant marker gene on the upper pericarp of a kernel in a diploid (A), tetraploid (B), and triploid (C) donor

Для успешного проведения скрещиваний кукурузы были подобраны гаплоиндукторы одной группы спелости с материнской формой. При этом тетраплоидный гаплоиндуктор использовали только в качестве отцовской формы, а диплоидный донор в качестве материнской. В первый год делянки с отцовскими и материнскими формами были высеяны рядом друг с другом и между ними были проведены скрещивания в период массового цветения растений. После опыления материнского растения пыльцой гаплоиндуктора, початки изолировали и оставили до созревания. После созревания все гибридные початки были убраны с поля и просушены до 14% влажности зерна. Затем все гибридные завязавшиеся зерновки были просмотрены с торца початка с отбором предполагаемых диплоидов. Отбирали диплоидные зерновки с гетерозиготным генотипом, которые идентифицировали по наличию окрашенного перикарпа на верхушке («шапочка») и отсутствию антоциановой окраски на щитке (отсутствию окраски у зародыша) (см. рис. 1). На следующий год был проведен посев в поле всех отобранных с гибридных початков диплоидных (редидиплоидных) зёрен. Рядом были расположены делянки с диплоидным гаплоиндуктором для второго этапа гибридизации, а также диплоидный и тетраплоидный тестеры. При достижении у редидиплоидных растений кукурузы фазы цветения, они были предварительно изолированы пергаментными изоляторами до выхода рылец. После наступления фазы цветения

мужских и женских соцветий, с утра собирали в пергаментный изолятор пыльцу с гаплоиндуктора и проводили опыление рылец на початке редидиплоидного растения. Сразу после опыления початка изолятор снабжали этикеткой, указывая дату опыления и формулу гибрида. После созревания зерновок и уборки урожая, все гибридные початки просматривали и отбирали зерновки с наличием маркерного признака на верхней части перикарпа и с неокрашенным зародышем (см. рис. 1). Отобранные зерновки были отнесены к предполагаемым гаплоидным зерновкам для последующего проращивания и обработки колхицином. Гаплоидные растения характеризуются карликовым ростом, узкими листьями, маленьким размером метелки и початка, полной или частичной стерильностью мужских соцветий. Рыльца гаплоидных растений кукурузы способны принимать пыльцу любой ploидности и завязывать полноценные зерновки разной ploидности на гаплоидном початке. Для перевода гаплоидов в диплоидное состояние, то есть для увеличения числа хромосом вдвое, проводят процедуру колхицинирования, в результате которой образуются фертильные растения нормального размера.

Для удвоения числа хромосом колхицином у гаплоидов нами был использован метод Даймлинга (Deimling et al., 1997). У проростков длиной 3–4 см были удалены кончики шилец (гипокотиль) и первичного корешка (рис. 3). Укороченные проростки погружали на 12 часов

в 0,06% раствор колхицина с добавлением 0,5% раствора диметилсульфоксида (DMSO). После этого проростки промывали холодной проточной водой в течение двух часов и высаживали в поле. Для удобства обычно применяют другой метод обработки проростков: прямо в поле

раствор колхицина в концентрации 0,03–0,012% вводят инсулиновым шприцем в точку роста (зону апекса) растения, находящегося в фазе 3–4 листьев, дважды в сутки в утреннее и вечернее время.

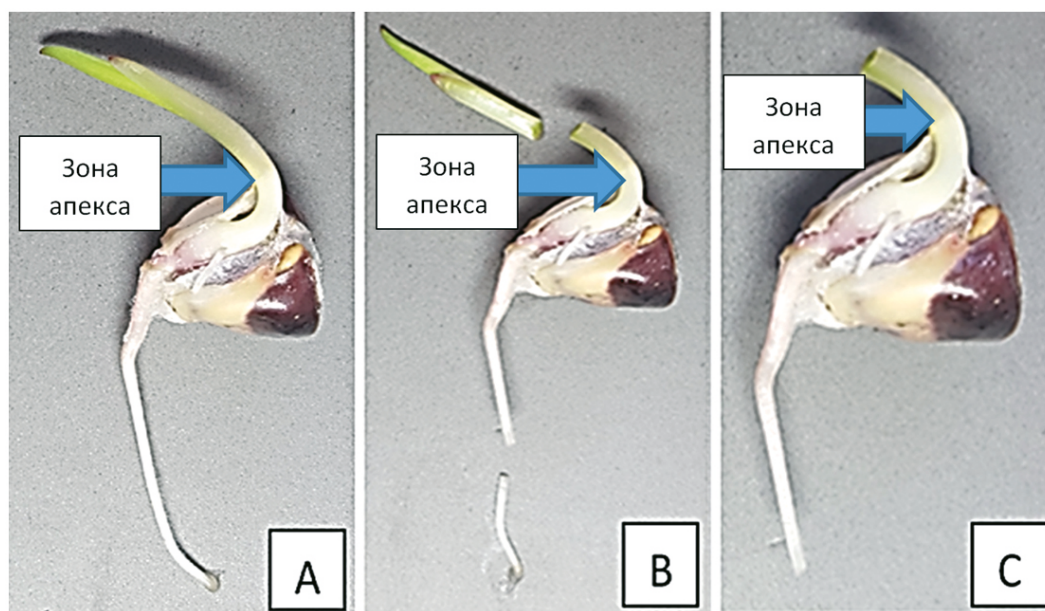


Рис. 3. Подготовка гаплоидных проростков кукурузы к колхицинированию по методу Даймлинга и соавторов (Deimling et al., 1997)

Fig. 3. Preparation of haploid maize seedlings for colchicine treatment according to the method of Deimling et al. (1997)

Рядом с делянками колхицинированных гаплоидных растений высевали тетраплоидный и диплоидный тестеры. Линии кукурузы, полученные в результате обработки гаплоидных проростков колхицином, были фертильными и во время цветения хорошо пылили. Все початки фертильных растений были самоопылены, а часть пыльцы была перенесена на рыльца початков диплоидного и тетраплоидного тестеров, высаженных по соседству. Пloidность полученных растений определяли цитологически, путем подсчета числа хромосом на метафазных пластинках в делящихся клетках корешков проростков кукурузы (рис. 9), либо методом тесткроссов в гетероплоидных скрещиваниях (рис. 6).

Анализ ploидности тестируемых линий проводили после созревания и сушки початков от тесткроссов. Для этого все початки располагали по группам в соответствии со схемой проведенных скрещиваний и просматривали выполненность зерновок на початках. Критерии оценки ploидности были следующими: если на диплоидном тестерном початке завязались полноценные зерновки, а на тетраплоидном плохо выполненные, то пыльцевой

донор относили к дигаплоидной линии (редигаплоид). Если на диплоидном тестерном початке формировались плохо выполненные зерновки, а на тетраплоидном нормальные, то в этом случае источник пыльцы, колхицинированное гаплоидное растение, имело тетраплоидный геном и его относили к автотетраплоидной линии. В том случае, если на початках обоих тестеров завязывались разнокачественные по выполненности зерновки, то пыльцевой донор относили к триплоидным или анеуплоидным растениям и выбраковывали (рис. 4).

Результаты проведенных тест-скрещиваний показали, что дигаплоидные линии, выделенные прямым методом из тетраплоидных популяций, свободно скрещиваются с диплоидными тестерами с образованием гибридных зерновок и с тетраплоидными с образованием триплоидных зерновок, что является характерной особенностью второго скрещивания. Этот метод может быть использован для предварительного анализа большого числа растений в поле с последующим подтверждением результата определения ploидности тестируемых линий путем прямого подсчета числа их хромосом.

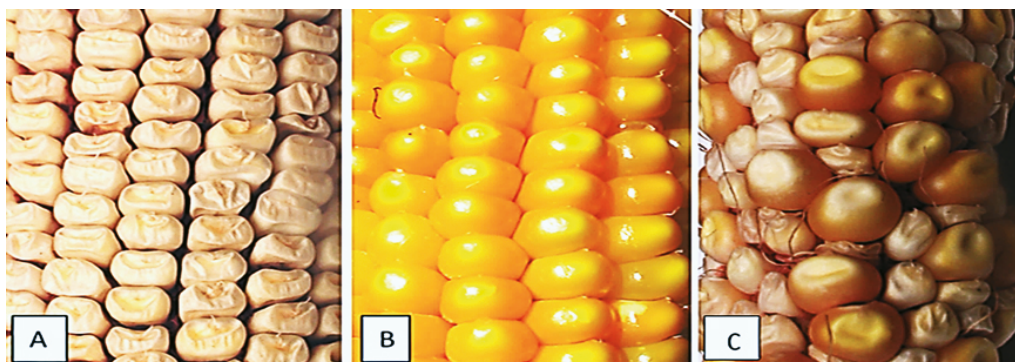


Рис. 4. Зерновки триплоидной (А), диплоидной (В) и гетероплоидной (С) кукурузы сформировавшиеся на початках тестеров

Fig. 4. Triploid (A), diploid (B), and heteroploid (C) maize kernels formed on the cobs of testers

Косвенный метод получения редиплоидных линий заключается в скрещивании донора с тетраплоидным гаплоиндуктором в качестве второго родителя в гибридной комбинации, при этом в качестве донора используют любой диплоидный образец, не являющийся гаплоиндуктором. В результате такого скрещивания на початке формируются гибридные зерновки с триплоидным зародышем, независимо от того, выступает ли диплоидная линия в качестве материнского или отцовского родителя (рис. 5). В данном исследовании в качестве материнской формы был использован диплоидный сорт кукурузы, а в качестве отцовской – тетраплоидный (см. рис. 6). Все сформированные на початке гибридные зерновки имели триплоидный зародыш и редуцированный эндосперм, что характерно для такого скрещивания, поскольку эндосперм

в таком случае будет иметь два набора хромосом отцовского родителя вместо одного, что обусловлено механизмом двойного оплодотворения у растений. В ранних работах по исследованию развития эндосперма у кукурузы в гетероплоидных скрещиваниях было показано, что эндосперм, в котором нарушено соотношение численности родительских хромосом – 2 (материнские):1 (отцовские), претерпевает аномальное развитие, либо он абортивен (Lin, 1984).

Выраженность редукции эндосперма, помимо соотношения численности родительских хромосом, зависит от генотипа обоих родителей, и в гетероплоидных скрещиваниях бывают редкие случаи почти полной выполненности триплоидных зерновок.



Рис. 5. Зерновки с триплоидным (3n) зародышем, сформировавшиеся в результате гетероплоидного скрещивания 2n×4n кукурузы

Fig. 5. Kernels with a triploid (3n) embryo resulting from crosses between diploid (2n) and tetraploid (4n) maize

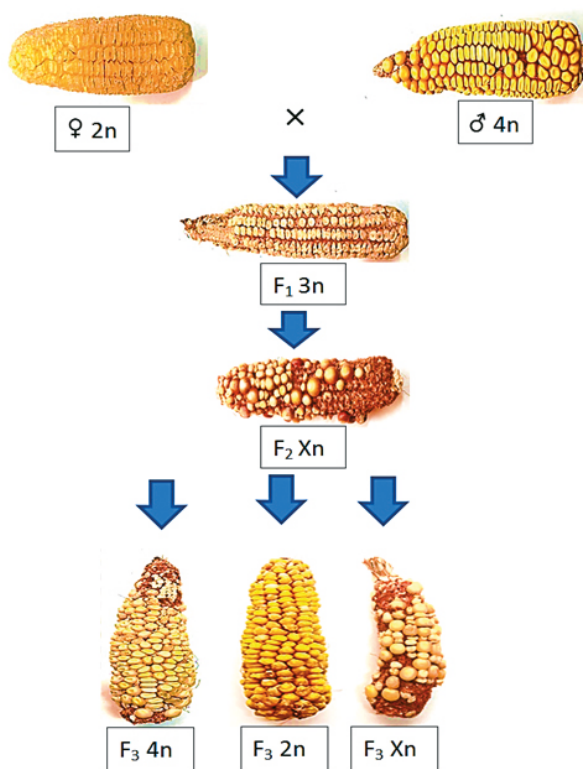


Рис. 6. Схема гетероплоидных скрещиваний для получения гаплоидных зерновок кукурузы косвенным методом

Fig. 6. Scheme of heteroploid crossings for producing haploid maize kernels by means of indirect method

Триплоидные гибридные зерновки высеяли в поле, где они успешно проросли несмотря на недоразвитие эндосперма, и в период цветения дали мощные триплоидные растения. Пыльца триплоидного растения кукурузы слабо фертильна и на самоопыленном початке завязывает зерновки различной плоидности, различающиеся по выполненности и размеру (рис. 7).



Рис. 7. Самоопыленный початок триплоидного растения кукурузы с зерновками различной плоидности

Fig. 7. A cob from self-pollination of a triploid maize plant with kernels of different ploidy

После созревания початки были убраны и высушены, после чего была осуществлена разборка и сортировка завязавшихся зерновок, которые были рассортированы по размеру на предполагаемые тетраплоидные, триплоидные, диплоидные и анеуплоидные (рис. 8).



Рис. 8. Распределение сформировавшихся на самоопылённом триплоидном початке зерновок по размеру на предполагаемые тетраплоидные (4n), диплоидные (2n), триплоидные (3n) и анеуплоидные (Xn±1) зерновки

Fig. 8. Size distribution of kernels in a self-pollinated triploid cob into putative tetraploid (4n), diploid (2n), triploid (3n) and aneuploid (Xn±1) kernels

Подсчет числа хромосом в кончиках корешков проростков позволил точно установить плоидность полученных растений (см. рис. 9). Такой способ установления хромосомных чисел растений кукурузы высокоэффекти-

вен, но при работе с большой выборкой этот метод становится довольно трудоёмким, поскольку сопряжён с проблемой последующего сохранения проростка, его укоренения и получения потомства.

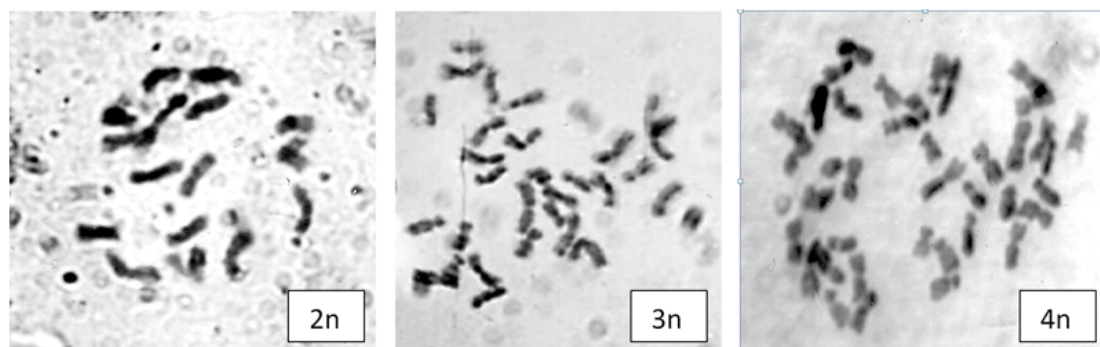


Рис. 9. Метафазные пластинки диплоидной (2n), триплоидной (3n) и тетраплоидной (4n) кукурузы, окрашенные реактивом Шиффа по Фёльгену

Fig. 9. Metaphase plates of diploid (2n), triploid (3n), and tetraploid (4n) maize stained with Schiff's reagent according to Feulgen method

Альтернативным способом первичного определения плоидности отобранных зерновок является метод тесткроссов. В посеве были использованы только предполагаемые редиплоидные зерновки, рядом с которыми высевали диплоидный и тетраплоидный тестеры одной группы спелости. Перед цветением материнских форм их початки изолировали пергаментными изоляторами. Перед цветением отцовских растений – предполагаемых редиплоидов – с раннего утра мужские соцветия были изолированы пергаментными изоляторами для сбора пыльцы. Собранную пыльцу распределяли между собственным початком (инцухт) и початками диплоидного и тетраплоидного тестеров (тесткросс). Все самоопылённые и гибридные (от тесткроссов) початки изолировали пергаментными изоляторами. После созревания початков они были собраны и просушены до 14% влажности зерна, после чего каждый початок был проверен на качество завязавшихся зерновок. В первую очередь зерновки проверяли на однородность по форме и размеру и, если зерновки на початке не были однородными, то самоопылённое растение относили к триплоидным и выбраковывали. Если на самоопылённом початке зерновки были типичными по форме и размеру, то растение и початок считали диплоидным или тетраплоидным. Для точного определения, является ли растение диплоидным или тетраплоидным, переходили к анализу початков, полученных с его участием в тесткроссах. Все гибридные комбинации с диплоидными и тетраплоидными тестерами располагали параллельно на столе и просматривали парами. Если на початках диплоидного тестера обнаруживали триплоидные щуплые зерновки, а на тетраплоидном

полноценные нормальные, то отцовское растение считали тетраплоидным. В случае, если на диплоидном початке завязались ровные нормальные зерновки, а на тетраплоидном триплоидные, то отцовское растение считали диплоидным (редиплоидным) (см. рис. 4). Полученные косвенным методом редиплоидные линии являются гетерозиготными носителями аллелей генов от обоих родителей и фенотипически значительно различаются между собой.

После установления истинности диплоидного генотипа у редиплоидных линий кукурузы методом тесткроссов вся дальнейшая работа селекционера сводится к накоплению в редиплоидной линии гомозиготных аллелей методом инцухта. Для сокращения времени полевой работы, направленной на выравнивание линии, мы рекомендуем использовать на этом этапе метод гаплоиндукции с применением диплоидного гаплоиндуктора и стандартной методики дигаплоидизации выделенных гаплоидных зерновок. Это позволит сократить время на получение 100% гомозиготных редиплоидных линий до 1-2-х лет.

Обсуждение

Использование механизма расширения генетического полиморфизма посредством редиплоидизации тетраплоидных генотипов перспективно для гибридной селекции кукурузы в качестве способа создания ценного исходного материала. Он также может быть использован при изучении межхромосомных перестроек в полиплоидном геноме, а также как один из способов получения анеуплоидов. Возникновение полиплоидов в процессе эволюции сопря-

жено с быстрой и значительной перестройкой генома, которая включает существенные изменения числа хромосом и их структуры, например вследствие транслокаций и делеций. Полиплоидия приводит к активации и перемещению транспозонов, а также связана с эпигенетическими эффектами, такими как модификация структуры хроматина вследствие изменения характера его метилирования. Эффекты перестройки хромосом, происходящие в результате «геномного шока» (De Storme, Mason, 2014) у вновь образовавшихся полиплоидных растений, часто приводят к выраженным изменениям экспрессии генов, что проявляется на уровне фенотипа, а также к летальности и стерильности. Процесс диплоидизации с одной стороны приводит к восстановлению фертильности, с другой – позволяет сохранить в геноме дубликации генов (Panchy et al., 2016), которые на начальном этапе не оказывают прямого влияния на продуктивность, что создаёт условия для сохранения вновь возникающих мутаций и для увеличения числа комбинаций аллелей. Такой прогресс изменчивости генома растений способствует увеличению гетерозиготности и сопровождается частичным гетерозисным эффектом с последующим повышением фертильности. Редиплоидизация тетраплоидов также приводит к появлению более продуктивных диплоидных потомков. Кроме того, у тетраплоидных гибридов, полученных от скрещивания контрастных по аллелям генов и по проявлению признаков тетраплоидных родительских форм, частота обменов гомологичными участками хромосом гораздо выше, чем при скрещивании диплоидных линий (Yao et al., 2020). Поэтому вероятность получения кроссоверных хромосом с разнообразными сочетаниями аллелей селекционно-важных генов у тетраплоидных гибридов выше, чем у диплоидных аналогов.

Результаты изучения полученных редиплоидных линий кукурузы подтвердили их хозяйственную ценность и полезность для гибридной селекции (Khatеfov et al., 2019). В дальнейшем при изучении селекционной ценности 26 редиплоидных линий, выделенных из тетраплоидной популяции и скрещенных с 17 стерильными тестерами С- и М- типов ЦМС, были выявлены 34 гибридные комбинации с урожайностью на уровне или выше стандартных гибридов. Из них 24 гибрида были отнесены к раннеспелой, шесть гибридов к среднеспелой и четыре к позднеспелой группе спелости по FAO (URL: <https://www.fao.org>). Из 26 редиплоидных линий удалось выделить гибридную комбинацию (Rf 7с × КБ 595-10-5) × 6199-2, показавшую урожайность зерна 13,58 т/га, что выше стандарта на три значения $НСР_{05} = 0,52$ т/га (Khatеfov et al., 2019).

Выводы

Использование метода редиплоидизации тетраплоидных популяций кукурузы прямым и косвенным методами способствует получению дигаплоидных (редиплоидных) линий кукурузы из тетраплоидных генотипов за 3-4

года селекционной работы. Полученные этим способом дигаплоидные (редигаплоидные и редиплоидные) линии могут быть генетически близкими к исходным тетраплоидным родительским генотипам, из которых они были выделены. С помощью этого метода селекционер может получить диплоидные линии как из культурных полиплоидных видов рода *Zea*, так и из диких тетраплоидных сороричей, что даёт возможность проводить скрещивания с диплоидной кукурузой и вовлекать их генетический потенциал в селекцию диплоидной кукурузы.

Литература/References

- Bennett M.D., Leitch I.J. Plant DNA C-values database (release 2.0, Jan. 2003). Available from: www.rbgsweb.org.uk/cval/homepage.html [accessed Jan. 10, 2023].
- De Storme N., Mason A. Plant speciation through chromosome instability and ploidy change: Cellular mechanisms, molecular factors and evolutionary relevance. *Current Plant Biology*. 2014;1:10-33. DOI: 10.1016/j.cpb.2014.09.002
- Deimling S., Röber F., Geiger H.H. Methodik und Genetik der in-vivo-Haploideninduktion bei Mais. *Vorträge für Pflanzenzüchtung*. 1997;38:203-204 [in German].
- Food and Agriculture Organization of the United Nations (FAO): [website]. URL: <https://www.fao.org> [accessed Jan. 10, 2023].
- Kellogg E.A., Bennetzen J.L. The evolution of nuclear genome structure in seed plants. *American Journal of Botany*. 2004;91(10):1709-1725. DOI: [jstor.org/stable/4123862](https://doi.org/10.1093/aob/91.10.1709)
- Khadzhinov M.I., Chumak M.V. Creation of new markers for the isolation of maize haploids (Sozdaniye novykh markerov dlya vydeleniya gaploidov kukuruzy). In: *Apomyxis and Cytoembriology of Plants (Apomiksis i tsitoembriologiya rasteniy)*. Saratov: Saratov University Publisher; 1978. Iss. 4. p.117-118. [in Russian] (Хаджинов М.И., Чумак М.В. Создание новых маркеров для выделения гаплоидов кукурузы. В кн.: *Апомиксис и цитозембриология растений*. Саратов: Изд-во Саратовского университета; 1978. Вып. 4. С.117-118).
- Khatеfov E.B. Seed productivity of tetraploid maize and ways to increase it in the conditions of Kabardino-Balkaria (Semennaya produktivnost tetraploidnoy kukuruzy i puti yeye povysheniya v usloviyakh Kabardino-Balkarii) [dissertation]. St. Petersburg: VIR; 2012. [in Russian] (Хатевов Э.Б. Семенная продуктивность тетраплоидной кукурузы и пути ее повышения в условиях Кабардино-Балкарии: дис. ... д-ра биол. наук. Санкт-Петербург: ВИР; 2012).
- Khatеfov E.B. Method of creating redyploid lines from tetraploid populations of maize. In: *N. I. Vavilov's Ideas in the Modern World: Abstracts of the IV Vavilov International Conference; 2017 November 20-24; St. Petersburg, Russia*. St. Petersburg: VIR; 2017. p.326-327. [in Russian] (Хатевов Э.Б. Метод создания редиплоидных линий из тетраплоидных популяций кукурузы. В кн.: *Идеи Н.И. Вавилова в современном мире: Тезисы докладов IV Вавиловской международной конференции; 20-24 ноября 2017 г.; Санкт-Петербург, Россия*. Санкт-Петербург: ВИР; 2017. С.326-327).
- Khatеfov E.B., Asadova G.M. Development of dihaploid maize lines: (guidelines) E.E. Radchenko (ed.). St. Petersburg: VIR; 2020. [in Russian] (Хатевов Э.Б., Асадова Г.М. Создание дигаплоидных линий кукурузы: методические указания / под ред. Е.Е. Радченко. Санкт-Петербург: ВИР; 2020). DOI: 10.30901/978-5-907145-56-6
- Khatеfov E.B., Shatskaya O.A. The use of haploinducers in heteroploid crossings for broadening the genetic base of maize. In: *Genetic Resources of Cultivated Plants in XXI Century: Current status, problems, prospects, perspectives: Abstracts of the II Vavilov International Conference; 2007 November 26-30; St. Petersburg, Russia*. St. Petersburg: VIR; 2007. p.367-369. [in Russian] (Хатевов Э.Б., Шацкая О.А. Применение гаплоиндукторов в гетероплоидных скрещиваниях для расширения разнообразия генетической основы кукурузы. В кн.:

- Генетические ресурсы культурных растений в XXI веке: Материалы II Вавиловской международной конференции; 26-30 ноября 2007; Санкт-Петербург, Россия. Санкт-Петербург: ВИР; 2007. С.367-369).
- Khatefov E.B., Shomakhov B.R., Kushkhova R.S., Kudayev R.A., Khashirova Z.T., Gyaurgiyev A.Kh. Combining ability and response to CMS in reverse diploid maize lines developed at VIR. *Plant Biotechnology and Breeding*. 2019;2(4):15-23. [in Russian] (Хатефов Э.Б., Шомахов Б.Р., Кушхова Р.С., Кудаев Р.А., Хашширова З.Т., Гяургиев А.Х. Характеристика редиплоидных линий кукурузы селекции ВИР по комбинационной способности и реакции на ЦМС. *Биотехнология и селекция растений*. 2019;2(4):15-23). DOI: 10.30901/2658-6266-2019-4-02
- Lin B.-Y. Ploidy barrier to endosperm development in maize. *Genetics*. 1984;107(1):103-115. DOI: 10.1093/genetics/107.1.103
- Ministry of Agriculture of the Russian Federation. FGBU Center for Agroanalytics. Digest of key publications in the media. 2020. Iss. 14. [in Russian] (Минсельхоз РФ. ФГБУ «Центр агроаналитики». Дайджест ключевых публикаций в СМИ. 2020. Вып. 14). URL: https://specagro.ru/sites/default/files/2020-09/daydzhest-zernovye_no14.pdf [дата обращения 10.01.2023]
- Pausheva Z.P. Plant cytology practical training. Moscow: Agropromizdat, 1988. [in Russian] (Паушева З.П. Практикум по цитологии растений. Москва: Агропромиздат; 1988).
- Panchy N., Lehti-Shiu M., Shiu S.H. Evolution of gene duplication in plants. *Plant Physiology*. 2016;171(4):2294-2316. DOI: 10.1104/pp.16.00523
- Shcherbak V.S. Widening of genetic pool of initial stock for corn breeding. *Maize breeding: Collection of scientific works of the Krasnodar Research Institute of Agriculture (Sbornik nauchnykh trudov Krasnodarskogo nauchno-issledovatel'skogo instituta sel'skogo khozyaistva)*. 1984;27:104-117. [in Russian] (Щербак В.С. Расширение генетической основы исходного материала в селекции кукурузы. *Селекция кукурузы: сборник научных трудов КНИИСХ*. 1984;27:104-117).
- Shcherbak V.S., Khatefov E.B. A study of seed productivity of tetraploid maize (Issledovaniye plodovitosti tetraploidnoy kukuruzy). In: *Collection of scientific works dedicated to the 100th anniversary of V.A. Nevinskykh (Sbornik nauchnykh trudov, posvyashchennyi 100-letiyu V.A. Nevinskykh)*. Krasnodar; 2000. p.180-186. [in Russian] (Щербак В.С., Хатефов Э.Б. Изучение плодovitости тетраплоидной кукурузы. В кн.: *Сборник научных трудов, посвященный 100-летию В.А. Невинных*. Краснодар; 2000. С.180-186).
- Schnable P.S., Ware D., Fulton R.S., Stein J.C., Wei F., Pasternak S., Liang C., Zhang J., Fulton L., Graves T.A., Minx P., Reily A.D., Courtney L., Kruchowski S.S., Tomlinson C., Strong C., Delehaunty K., Fronick C., Courtney B., Rock S.M., Belter E., Du F., Kim K., Abbott R.M., Cotton M., Levy A., Marchetto P., Ochoa K., Jackson S.M., Gillam B., Chen W., Yan L., Higginbotham J., Cardenas M., Waligorski J., Applebaum E., Phelps L., Falcone J., Kanchi K., Thane T., Scimone A., Thane N., Henke J., Wang T., Ruppert J., Shah N., Rotter K., Hodges J., Ingenthron E., Cordes M., Kohlberg S., Sgro J., Delgado B., Mead K., Chinwalla J., Leonard S., Crouse K., Collura K., Kudrna D., Currie J., He R., Angelova A., Rajasekar S., Mueller T., Lomeli R., Scara G., Ko A., Delaney K., Wissotski M., Lopez G., Campos D., Braidotti M., Ashley E., Golser W., Kim H., Lee S., Lin J., Dujmic Z., Kim W., Talag J., Zuccolo A., Fan C., Sebastian A., Kramer M., Spiegel L., Nascimento L., Zutavern T., Miller B., Ambroise C., Muller S., Spooner M., Narechania A., Ren L., Wei S., Kumari S., Faga B., Levy M.J., McMahan L., Van Buren P., Vaughn M.W., Ying K., Yeh C.T., Emrich S.J., Jia Y., Kalyanaraman A., Hsia A.P., Barbazuk W.B., Baucom R.S., Brutnell T.P., Carpita N.C., Chaparro C., Chia J.M., Deragon J.M., Estill J.C., Fu Y., Jeddleloh J.A., Han Y., Lee H., Li P., Lisch D.R., Liu S., Liu Z., Nagel D.H., McCann M.C., SanMiguel P., Myers A.M., Nettleton D., Nguyen J., Penning B.W., Ponnala L., Schneider K.L., Schwartz D.C., Sharma A., Soderlund C., Springer N.M., Sun Q., Wang H., Waterman M., Westerman R., Wolfgruber T.K., Yang L., Yu Y., Zhang L., Zhou S., Zhu Q., Bennetzen J.L., Dawe R.K., Jiang J., Jiang N., Presting G.G., Wessler S.R., Aluru S., Martienssen R.A., Clifton S.W., McCombie W.R., Wing R.A., Wilson R.K.. The B73 maize genome: complexity, diversity, and dynamics. *Science*. 2009;326(5956):1112-1115. DOI: 10.1126/science.1178534
- te Beest M., Le Roux J.J., Richardson D.M., Brysting A.K., Suda J., Kubesová M., Pysek P. The more the better? The role of polyploidy in facilitating plant invasions. *Annals of Botany*. 2012;109(1):19-45. DOI: 10.1093/aob/mcr277
- Troyer A.F. Background of U.S. hybrid corn. *Crop Science*. 1999;39:601-626. DOI: 10.2135/cropsci1999.0011183X003900020001xa
- Yao H., Srivastava S., Swyers N., Han F., Doerge R.W., Birchler J.A. Inbreeding depression in genotypically matched diploid and tetraploid maize. *Frontiers in Genetics*. 2020;11:564928. DOI: 10.3389/fgene.2020.564928

Информация об авторах

Алексей Владимирович Ульянов, аспирант, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова (ВИР), 190000 Россия, г. Санкт-Петербург, ул. Большая Морская, 42, 44, krasnixin56@gmail.com, <https://orcid.org/0009-0005-3960-8288>

Денис Сергеевич Куцев, аспирант, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова (ВИР), 190000 Россия, г. Санкт-Петербург, ул. Большая Морская, 42, 44, kathakam@yandex.ru, <https://orcid.org/0009-0008-3659-1523>

Владимир Вячеславович Васипов, аспирант, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова (ВИР), 190000 Россия, г. Санкт-Петербург, ул. Большая Морская, 42, 44, vl.vasipov@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0002-3829-7714>

Халима Рафизовна Мамадова, старший научный сотрудник, заведующая лабораторией современной селекции и молекулярной биологии, Азербайджанский научно-исследовательский институт земледелия Министерства сельского хозяйства Азербайджанской Республики, Азербайджан, г. Баку, пос. Пиршаги, Совхоз № 2, 0helime@gmail.com

Милана Юрьевна Хакулова, аспирант, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова (ВИР), 190000 Россия, г. Санкт-Петербург, ул. Большая Морская, 42, 44, khakulova98mil@yandex.ru, <https://orcid.org/0009-0005-4001-820x>

Сельминаз Фирудиновна Исрафилова, младший научный сотрудник, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова (ВИР), Дагестанская опытная станция – филиал ВИР, 368612 Россия, Республика Дагестан, Дербентский район, с. Вавилово, selyaisrafilova@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0002-6570-4418>

Милана Руслановна Фирсова, аспирант, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова (ВИР), 190000 Россия, г. Санкт-Петербург, ул. Большая Морская, 42, 44, milagonikova001@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0001-6995-9015>

Андрей Владиславович Карлов, аспирант, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова (ВИР), 190000 Россия, г. Санкт-Петербург, ул. Большая Морская, 42, 44, dra29399@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0001-9193-9862>

Эдуард Балилович Хатефов, ведущий научный сотрудник, отдел генетических ресурсов крупяных культур, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова (ВИР), 190000 Россия, г. Санкт-Петербург, ул. Большая Морская, 42, 44, haed1967@rambler.ru, <https://orcid.org/0000-0001-5713-2328>

Information about the authors

Alexey V. Ulyanov, postgraduate student, N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources (VIR), 42, 44, Bolshaya Morskaya Street, St. Petersburg, 190000 Russia, krasnixin56@gmail.com, <https://orcid.org/0009-0005-3960-8288>

Denis S. Kutsev, postgraduate student, N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources (VIR), 42, 44, Bolshaya Morskaya Street, St. Petersburg, 190000 Russia, katham@yandex.ru, <https://orcid.org/0009-0008-3659-1523>

Vladimir V. Vasipov, postgraduate student, N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources (VIR), 42, 44, Bolshaya Morskaya Street, St. Petersburg, 190000 Russia, vl.vasipov@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0002-3829-7714>

Khalima R. Mamadova, Senior research associate, Head, Laboratory of Modern Selection and Molecular Biology, Azerbaijan Sciences Research Institute of Agriculture, Ministry of Agriculture of Azerbaijan Republic, State Farm No.2, Pirshagi Settlement, Baku, Azerbaijan. 0lhelime@gmail.com

Milana Yu. Khakulova, postgraduate student, N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources (VIR), 42, 44, Bolshaya Morskaya Street, St. Petersburg, 190000 Russia, khakulova98mil@yandex.ru, <https://orcid.org/0009-0005-4001-820x>

Selminaz F. Israfilova, Junior researcher, N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources (VIR), Dagestan Experimental Station of VIR, Vavilovo Village, Derbentsky District, Republic of Dagestan, 368612 Russia, selyaisrafilova@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0002-6570-4418>

Milana R. Firsova, postgraduate student, N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources (VIR), 42, 44, Bolshaya Morskaya Street, St. Petersburg, 190000 Russia, milagonikova001@gmail.com <https://orcid.org/0000-0001-6995-9015>

Karlov Andrey V. Karlov, postgraduate student, Federal Research Center of N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources (VIR), 42, 44, Bolshaya Morskaya Street, St. Petersburg, 190000 Russia, dra29399@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0001-9193-9862>

Eduard B. Khatefov, Leading researcher, Department of Groats Genetic Resources, N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources (VIR), 42, 44, Bolshaya Morskaya Street, St. Petersburg, 190000 Russia, haed1967@rambler.ru, <https://orcid.org/0000-0001-5713-2328>

Вклад авторов: все авторы сделали эквивалентный вклад в подготовку публикации.

Contribution of the authors: the authors contributed equally to this article.

Конфликт интересов: авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

Conflict of interests: the authors declare no conflicts of interests.

Статья поступила в редакцию 11.01.2023; одобрена после рецензирования 04.03.2023; принята к публикации 25.03.2023.

The article was submitted on 11.01.2023; approved after reviewing on 04.03.2023; accepted for publication on 25.03.2023.

Краткое сообщение
УДК 575.1:575.2:633
DOI: 10.30901/2658-6266-2023-1-05



Генетические ресурсы и генетические технологии для развития северных территорий: об итогах Второй конференции (13–15 марта 2023 года)

Е. К. Хлесткина, Ю. В. Ухатова, Л. Ю. Шипилина, А. А. Заварзин

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

Автор, ответственный за переписку: Елена Константиновна Хлесткина, director@vir.nw.ru

Цикл мероприятий в честь столетнего юбилея Полярной опытной станции ВИР, основанной Николаем Ивановичем Вавиловым, открыла вторая научная конференция «Генетические ресурсы и генетические технологии для развития северных территорий», которая состоялась 13–15 марта 2023 года. Задача Конференции – обеспечить функционирование регулярной площадки для обмена опытом, консолидации усилий и выработки междисциплинарных подходов между профильными специалистами – генетиками, ресурсоведами и биотехнологами, а также специалистами из смежных разделов биологии, медицины и из других наук, чьи совместные усилия направлены на повышение востребованности биоресурсных коллекций и роли генетических технологий в развитии северных регионов нашей страны. Организаторами конференции выступили Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова (ВИР), Вавиловское общество генетиков и селекционеров (ВОГиС), Русское географическое общество (РГО), Научный совет по генетике и селекции РАН, Научный совет РАН по изучению Арктики и Антарктики, Русское ботаническое общество (РБО). Конференция прошла в онлайн формате. Программа конференции включала три секции: «Эффективное развитие северного земледелия: генетические ресурсы сельскохозяйственных растений и микроорганизмов, генетические технологии и междисциплинарные исследования», «Сельскохозяйственные животные, морские млекопитающие и промысловые рыбы в условиях Крайнего севера: сохранение и изучение генетических ресурсов, селекция, междисциплинарные исследования», «Здоровье и долголетие населения северных территорий: генетические исследования (в том числе на модельных организмах)», а также круглый стол «Экспедиционные исследования в Арктике и северных регионах России: опыт молодых ученых». Состоялось пять пленарных докладов, одна вечерняя лекция и 23 секционных доклада. Генетические, геномные и омикные исследования с использованием ценных генетических ресурсов растений, животных и микроорганизмов, а также биоматериалов человека, в том числе мобилизованных в биоресурсные *ex situ* коллекции из регионов, отличающихся экстремальными природно-климатическими условиями, – основа для получения знаний, создания комплекса инструментов и разработок, способствующих социально-экономическому развитию и обеспечению безопасности в Арктике, решению вопросов здоровьесбережения, повышения качества жизни населения и частичного самообеспечения продовольствием регионов Севера и Арктики. Развитие данного направления имеет важное значение для реализации государственной научно-технической политики в Российской Федерации с учетом Указов Президента Российской Федерации №164 от 5 марта 2020 года и №645 от 26 октября 2020 года. В статье представляются основные тренды, озвученные на Конференции, и публикуется резолюция, принятая Конференцией.

Ключевые слова: арктическая медицина, биоресурсные коллекции, генетические ресурсы животных, генетические ресурсы почвенных микроорганизмов, генетические ресурсы растений, генетические технологии, здоровьесбережение, медицинская генетика, развитие Арктической зоны Российской Федерации, северное земледелие

Для цитирования: Хлесткина Е.К., Ухатова Ю.В., Шипилина Л.Ю., Заварзин А.А. Генетические ресурсы и генетические технологии для развития северных территорий: об итогах Второй конференции (13–15 марта 2023 года). *Биотехнология и селекция растений*. 2023;6(1):32–38. DOI: 10.30901/2658-6266-2023-1-05

Прозрачность финансовой деятельности. Авторы не имеют финансовой заинтересованности в представленных материалах или методах. Авторы благодарят рецензентов за их вклад в экспертную оценку этой работы. Мнение журнала нейтрально к изложенным материалам, авторам и их месту работы.

© Хлесткина Е.К., Ухатова Ю.В., Шипилина Л.Ю., Заварзин А.А., 2023

Brief communication

DOI: 10.30901/2658-6266-2023-1-o5

Genetic resources and genetic technologies for the development of the Northern Territories: on the results of the Second Conference (March 13–15, 2023)

Elena K. Khlestkina, Yulia V. Ukhatova, Liliya Yu. Shipilina, Aleksey A. Zavarzin

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

Corresponding author: Elena K. Khlestkina, director@vir.nw.ru

A series of events in honor of the centenary of the Polar Experiment Station of VIR founded by Nikolay Ivanovich Vavilov, was opened by the Second Scientific Conference “Genetic Resources and Genetic Technologies for the Development of Northern Territories”, which took place on March 13–15, 2023. The objective of the Conference was to provide a regular platform for the exchange of experience, consolidation of efforts and development of interdisciplinary approaches between specialists – geneticists, resource scientists and biotechnologists, as well as specialists from related areas of biology, medicine and other sciences, whose joint efforts are aimed at increasing the demand for bio-resource collections and the role of genetic technologies in the development of the northern regions of the country. The Conference was organized by the Federal Research Centre the N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources (VIR), the Vavilov Society of Geneticists and Breeders (VOGiS), the Russian Geographical Society (RGS), Scientific Council on Genetics and Breeding of the RAS, Scientific Council of RAS for the Studies of the Arctic and Antarctic, and the Russian Botanical Society (RBS). The Conference was held online. The program of the Conference included three sections: “Effective Development of Northern Agriculture: Genetic Resources of Agricultural Plants and Microorganisms, Genetic Technologies and Interdisciplinary Research”; “Farm Animals, Marine Mammals and Commercial Fish in the Far North: Conservation and Study of Genetic Resources, Breeding and Interdisciplinary Research”; “Health and Longevity of the Population in Northern Territories: Genetic and Interdisciplinary Studies (Including Model Organisms)”, as well as a Round Table “Expeditionary Research in the Arctic and Northern Regions of Russia: Experience of Young Scientists”. Altogether, five plenary presentations, one evening lecture and 23 section reports were made. Genetic, genomic and omics research using valuable genetic resources of plants, animals and microorganisms, as well as human biomaterials, including bio-resource *ex situ* collections from regions with extreme nature and climate conditions is the basis for acquiring knowledge, creating a set of tools and developments that contribute to socio-economic development and security in the Arctic, addressing health-saving issues, improving the quality of life of the population and partial food self-sufficiency of the regions of the North and the Arctic. The development of these aspects is important for the implementation of the State scientific and technical policy of the Russian Federation, considering the Presidential Decrees 164 of March 5, 2020, and 645 of October 26, 2020. The article presents the main trends announced at the Conference and publishes the Resolution adopted by the Conference.

Keywords: Arctic medicine, bio-resource collections, animal genetic resources, genetic resources of soil microorganisms, plant genetic resources, genetic technology, health, medical genetics, development of the Arctic zone of the Russian Federation, northern agriculture

For citation: Khlestkina E.K., Ukhatova Y.V., Shipilina L.Y., Zavarzin A.A. Genetic resources and genetic technologies for the development of the Northern Territories: on the results of the Second Conference (March 13–15, 2023). *Plant Biotechnology and Breeding*, 2023;6(1):32–38. (In Russ.). DOI: 10.30901/2658-6266-2023-1-o5

Financial transparency. The authors have no financial interest in the presented materials or methods. The authors thank the reviewers for their contribution to the peer review of this work. The journal’s opinion is neutral to the presented materials, the authors, and their employers.

© Khlestkina E.K., Ukhatova Y.V., Shipilina L.Y., Zavarzin A.A., 2023

Введение

В 2021 году впервые была заложена основа для функционирования регулярной площадки с целью обмена опытом, консолидации усилий и выработки междисциплинарных подходов между профильными специалистами – генетиками, ресурсоведами и биотехнологами, а также специалистами из смежных разделов биологии, медицины и из других наук, чьи совместные усилия направлены на повышение востребованности биоресурсных коллекций и роли генетических технологий в развитии северных регионов нашей страны. Данное направление имеет важное значение для реализации государственной научно-технической политики в Российской Федерации с учетом Указов Президента Российской Федерации №164 от 5 марта 2020 «Об основах государственной политики Российской Федерации в Арктике на период до 2035 года» (The Decree, 2020a) и №645 от 26 октября 2020 года «О Стратегии развития Арктической зоны Российской Федерации и обеспечения национальной безопасности на период до 2035 года» (The Decree, 2020b). Материалы первой конференции «Генетические ресурсы и генетические технологии для развития северных территорий» (Санкт-Петербург, 21-22 декабря 2021 года) и резолюция, принятая данной конференцией опубликованы (Genetic Resources, 2021). Вторая конференция «Генетические ресурсы и генетические технологии для развития северных территорий», (Санкт-Петербург, 13-15 марта 2023 года), выполняя функцию, заложенную первой конференцией в 2021 году, вместе с тем открыла в 2023 году цикл мероприятий в честь столетнего юбилея Полярной опытной станции ВИР, основанной Николаем Ивановичем Вавиловым.

Организаторами конференции выступили Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова (ВИР, <https://www.vir.nw.ru/>), Вавиловское общество генетиков и селекционеров (ВОГиС, <https://www.vogis.org/>), Русское географическое общество (РГО, <https://www.rgo.ru/>), Научный совет по генетике и селекции РАН (<http://vigg.ru/sovety/po-genetike-i-selekcii/>), Научный совет РАН по изучению Арктики и Антарктики (<https://polarscience.ru/>), Русское ботаническое общество (РБО, <https://www.binran.ru/rbo/>).

Во вводных выступлениях представителей организаторов конференции отмечена востребованность и перспективность включения в арктические программы комплексных и междисциплинарных проектов с участием генетиков для решения ключевых задач адаптации человека к критическому световому и температурному режимам, достижения частичного самообеспечения человека продовольствием и сырьем в северных широтах. Председатель научного совета РАН по генетике и генетическим технологиям, чл.-кор. РАН А.М. Кудрявцев особо отметил роль генетиков в налаживании мониторинга биоценозов для предотвращения катастрофической деградации

экосистем Арктики, в решении проблем продовольствия и адаптации самого человека к условиям северных широт и поиске подходов к облегчению адаптации. Председатель научного совета РАН по изучению Арктики и Антарктики, академик РАН А.Д. Гвишиани привёл примеры включения соответствующих работ в крупные программы изучения и освоения севера, в частности развития полярной станции «Снежинка» и дрейфующей полярной станции «Северный полюс». На приоритетность для России северных территорий указал и вице-президент Русского географического общества, профессор К.В. Чистяков. Он обратил внимание на то, что первые программы обновленного РГО включали задачи по очистке Арктики и сохранению биоразнообразия северных территорий. Академик Гвишиани отметил, что генетические технологии – возможности получения информации о прошлом и одновременно – инструмент прогнозирования динамики систем как в связи с деятельностью человека, так и вне зависимости от нее. Ученый секретарь ВОГиС, профессор РАН А.А. Нижников подчеркнул насущную востребованность междисциплинарного взаимодействия при формировании и осуществлении работ в регионе и предложил включить обсуждение этих вопросов в повестку Съезда ВОГиС в 2024 году.

Конференция прошла в онлайн формате. Программа конференции включала три секции: «Эффективное развитие северного земледелия: генетические ресурсы сельскохозяйственных растений и микроорганизмов, генетические технологии и междисциплинарные исследования», «Сельскохозяйственные животные, морские млекопитающие и промысловые рыбы в условиях Крайнего севера: сохранение и изучение генетических ресурсов, селекция, междисциплинарные исследования», «Здоровье и долголетие населения северных территорий: генетические исследования (в том числе на модельных организмах)», а также круглый стол «Экспедиционные исследования в Арктике и северных регионах России: опыт молодых ученых». Состоялось пять пленарных докладов и 23 секционных доклада. Тезисы докладов опубликованы (Genetic Resources, 2023).

Традицией Конференции является специальная вечерняя лекция. В 2023 году вечернюю лекцию представило Русское географическое общество в лице кандидата географических наук Дениса Витальевича Моисеева на тему «Морские и наземные экосистемные исследования РГО в Арктике».

Эффективное развитие северного земледелия: генетические ресурсы сельскохозяйственных растений и микроорганизмов, генетические технологии и междисциплинарные исследования

Работу данного направления открыла пленарная лекция «100 лет научного растениеводства в Заполярье: итоги и перспективы (к 100-летию Полярной опытной станции – филиала ВИР)». В 1923 году Николай Иванович

Вавилов организовал в Заполярье, в Хибинах, опытную станцию, которая позже переместилась в Апатиты. Полярная опытная станция сыграла ключевую роль для самообеспечения новых предприятий горно-минералогического комплекса Кольского полуострова и одновременно стала первой экспериментальной площадкой для испытания разрабатываемых удобрений. За 100 лет Полярная опытная станция ВИР ни на один день не прекращала свою работу по изучению генетических ресурсов растений и выведению новых сортов, устойчивых к климатическим, почвенным и географическим особенностям Крайнего Севера. В итоге именно здесь были разработаны научные основы продвижения земледелия к северу и экспериментально доказано, что при научно обоснованном, системном и бережном подходе к освоению Севера, этот регион может дать человеку почти все, что ему нужно для жизни.

Успешная реализация сортами растений своего генетического потенциала во многом зависит от взаимодействия с полезными почвенными микроорганизмами. Вопросу изучения почвенных микроорганизмов Арктической зоны Российской Федерации была посвящена вторая пленарная лекция «Микробиологические параметры и экосистемные функции антропогенных почв Ямало-Ненецкого автономного округа», которую прочел профессор РАН Е.В. Абакумов (СПбГУ).

На секции были представлены устные доклады участников и соавторов из СПбГУ, Агрофизического НИИ (Санкт-Петербург), Центрального сибирского ботанического сада СО РАН (Новосибирск), Арктического и антарктического НИИ (Санкт-Петербург), Института медико-биологических проблем РАН (Москва), ВИР имени Н.И. Вавилова (Санкт-Петербург), ФНЦ «Карельский научный центр РАН» (Петрозаводск), Всероссийского НИИ сельскохозяйственной микробиологии (Санкт-Петербург), ФИЦ картофеля имени А.Г. Лорха» (Москва), Ботанического института имени В.Л. Комарова РАН (Санкт-Петербург), Института экологии растений и животных Уральского отделения РАН (Екатеринбург), Центрально-европейской лесной опытной станции ВНИИЛМ (Кострома).

Представлены результаты исследований генетических ресурсов северных ягод и основных сельскохозяйственных культур Крайнего севера, в первую очередь картофеля. Отдельное внимание уделено аспектам селекции овощных и зеленных культур для круглогодичного выращивания их в условиях закрытого грунта (на примере экспериментов на антарктической станции). Заострено внимание на вопросе полезных почвенных организмов, потенциал которых может быть использован при создании высокопродуктивных пастбищных фитоценозов в северных регионах России (Genetic Resources, 2023).

Сельскохозяйственные животные, морские млекопитающие и промысловые рыбы

в условиях Крайнего севера: сохранение и изучение генетических ресурсов, селекция, междисциплинарные исследования

Работу данного направления открыла пленарная лекция «Оценка генетического разнообразия малочисленных популяций домашнего и дикого северного оленя на основе полногеномного анализа», прочитанная В.С. Харзиновой из Федерального исследовательского центра животноводства – ВИЖ имени Л.К. Эрнста (Москва). На секции были представлены устные доклады участников и соавторов из ВИЖ имени Л.К. Эрнста (Москва), Всероссийского НИИ генетики и разведения сельскохозяйственных животных – филиала ВИЖ (Санкт-Петербург), Тувинского государственного университета (Кызыл), Института экологии растений и животных Уральского отделения РАН (Екатеринбург), Мурманской государственной сельскохозяйственной опытной станции (Мурманск), Национального научного центра морской биологии им. А.В. Жирмунского ДВО РАН (Владивосток), Государственного природного биосферного заповедника «Центральносибирский» (Красноярский край), Научно-экспедиционного центра «Морские млекопитающие» (Москва).

Представлены результаты популяционно-генетических исследований северных оленей, морских млекопитающих (морж) и рыб (сиговые, налим), а также генетико-селекционных исследований крупного рогатого скота (Мурманская область), северного оленя и камчатского краба. Особое внимание уделено изучению и развитию генетических ресурсов северного оленя, домашняя популяция которого представлена четырьмя официально утвержденными породами, а также породными группами, которые обеспечивают коренное население пищей и необходимыми материалами для жилищ и одежды. В этом направлении представляемые исследования были посвящены вопросам селекции на повышение мясной продуктивности северного оленя, в том числе при использовании современных методов маркер-вспомогательной селекции, популяционно-генетическим исследованиям, оценке генетического разнообразия и проблеме его сохранения (Genetic Resources, 2023).

Здоровье и долголетие населения северных территорий: генетические исследования (в том числе на модельных организмах)

Работу данного направления открыли пленарные лекции «Влияние северных условий на организм человека и развитие полярной медицины как самостоятельного направления» академика РАН М.И. Воеводы (Федеральный исследовательский центр фундаментальной и трансляционной медицины, ФИЦ ФТМ, Новосибирск) и «Микробиом человека и животных: источник природоподобных технологий и генетических ресурсов для создания специализированных продуктов питания, адапти-

рованных для людей, проживающих в экстремальных условиях севера» профессора В.Н. Даниленко (Институт общей генетики имени Н.И. Вавилова РАН, Москва). На секции были представлены устные доклады участников и соавторов из ФИЦ ФТМ, НИИ медицинской генетики Томского национального исследовательского медицинского центра РАН (НИМЦ РАН, Томск), Тюменского кардиологического научного центра – филиала Томского НИМЦ (Тюмень), Института биологии Коми научного центра РАН (Сыктывкар).

Представлены результаты популяционно-генетических исследований арктических популяций. Особое внимание уделено факторам, связанным с функционированием сердечно-сосудистой системы и вопросам старения (Genetic Resources, 2023).

Экспедиционные исследования в Арктике и северных регионах России: опыт молодых ученых

Круглый стол был организован совместно с Русским ботаническим обществом (РБО) и Русским географическим обществом (РГО). В нем приняли участие молодые ученые, аспиранты и студенты из ВИР имени Н.И. Вавилова, Якутского НИИ сельского хозяйства, Алтайского государственного университета и Всероссийского НИИ сельскохозяйственной микробиологии.

На примере экспедиций по сбору генетических ресурсов растений северо-западного региона России (2020-2022 гг.), экспедиции по изучению диких родичей культурных растений «Ленские столбы» и локальной флоры в Хангаласском улусе Центральной Якутии (2022 г.), а также экспедиции по поиску арктических бобовых растений и их бактериальных симбионтов в дельте реки Лены и на плато Путорана (2021 г.) были рассмотрены вопросы организации и проведения полевых исследований. Изучение Арктических и северных регионов России сопряжено с рядом проблем. В первую очередь, это значительная удаленность от населенных пунктов, высокая ресурсоемкость, зависимость от поставок из других регионов, сложные погодные условия, отсутствие устойчивой связи, средств мониторинга и доступность средств дистанционного зондирования. В рамках своих докладов молодые исследователи ознакомили слушателей с результатами своей работы. Собранные гербарные материалы поступили в коллекции ВИР и Алтайского государственного университета. Собраны северные образцы различных видов смородины, саженцы поступили в коллекцию ВИР. Изучена потенциальная база растений, способных стать источниками признаков устойчивости к суровым условиям Севера при выведении новых сортов. Проведена оценка бобовых растений и их бактериальных симбионтов, собраны образцы.

Резолюция второй конференции «Генетические ресурсы и генетические технологии для развития северных территорий»

Участники второй научной конференции «Генетические ресурсы и генетические технологии для развития северных территорий», всесторонне обсудив представленные на Конференции результаты исследований и вопросы, поставленные докладчиками, постановили:

1. Признать вторую научную конференцию «Генетические ресурсы и генетические технологии для развития северных территорий», состоявшуюся 13-15 марта 2023 года, успешной, отметить расширение заинтересованной аудитории, увеличение затрагиваемых тематик в рамках темы Конференции.

2. В дополнение к сохраняющим свою актуальность рекомендациям первой научной конференции «Генетические ресурсы и генетические технологии для развития северных территорий» (пп.1-8 на стр. сборника Genetic Resources, 2021) (Genetic Resources, 2021, p.65-67, para.1-8) внести следующие рекомендации:

2.1. Отметить необходимость стимулировать исследования адаптации растений к условиям крайнего севера, включая:

- работы по «осеверению» культурных растений;
- работы по введению в культуру местных дикоросов;
- комплексные подходы к разработке агротехнологий

с учетом как требований улучшения почвенных условий для выращивания урожая, так и условий повышенной хрупкости природных северных экосистем.

2.2. Отдельное внимание уделить развитию и применению в арктической зоне систем искусственного выращивания растений и селекции растений для этих целей.

2.3. Обратить внимание на сбережение и возвращение в оборот залежных северных почв, необходимость усиления исследований микробиологического состава северных почв и симбиотического взаимодействия растений и микроорганизмов в условиях северного земледелия.

2.4. Отметить необходимость развития работ по изучению генетического разнообразия сельскохозяйственных животных, промысловых рыб и морских млекопитающих и как источников продовольствия, и как объектов поддержания традиционных культур народов Севера, уделив особое внимание сохранению и восстановлению популяций северного оленя, направлению селекционных программ на повышение мясной продуктивности.

2.5. С учетом возрастающей практической востребованности, отметить необходимость включения в комплексные программы исследований генетических ресурсов северных территорий ряда беспозвоночных морских организмов.

2.6. Отметить необходимость продолжения и расширения различных популяционных исследований для обеспечения полярной медицины, отдельное внимание уделить:

References / Литература

- расширению традиционного изучения механизмов адаптаций человека к неблагоприятным факторам окружающей среды за счет включения в перечень исследованных новых аспектов, таких как, например, оценка состава микробиома жителей северных территорий;

- расширению популяционно-генетических исследований, связанных с функционированием сердечно-сосудистой системы и старением, а также орфанными заболеваниями, с учетом специфики региона.

2.7. Отметить необходимость поддержки и организации комплексных, в том числе междисциплинарных, экспедиционных исследований, в рамках которых могли бы объединяться усилия разных организаций и учреждений, работающих по Арктической тематике, и которые содействовали бы формированию практической школы подготовки молодых специалистов в данной сфере.

Конференция постановила направить данные предложения в:

- 1) Министерство науки и высшего образования Российской Федерации;
- 2) Научный совет по генетике и селекции РАН;
- 3) Научный совет РАН по изучению Арктики и Антарктики;
- 4) Русское географическое общество (РГО);
- 5) Русское ботаническое общество (РБО);
- 6) Вавиловское общество генетиков и селекционеров (ВОГиС).

Genetic resources and genetic technologies for the development of Northern territories: Proceedings of the Conference; 2021 December 21–22; St. Petersburg, Russia. E.K. Khlestkina (ed.). St. Petersburg: VIR; 2021. 68 p. [in Russian] (Генетические ресурсы и генетические технологии для развития северных территорий: материалы конференции, 21–22 декабря 2021 г.; Санкт-Петербург, Россия/ под общей редакцией Е.К. Хлесткиной. Санкт-Петербург: ВИР; 2021. 68 с.). URL: http://www.vir.nw.ru/wp-content/uploads/2021/10/VIR_konferentsiya_2021_Sever_Arktika-2.pdf [дата обращения: 18.03.2023].

Genetic resources and genetic technologies for the development of Northern Territories: Proceedings of the Second Conference; 2023 March 13–15; St. Petersburg, Russia. E.K. Khlestkina (ed.). St. Petersburg: VIR; 2023. 51 p. [in Russian] (Генетические ресурсы и генетические технологии для развития северных территорий: материалы конференции, 13–15 марта 2023 г.; Санкт-Петербург, Россия/ под общей редакцией Е.К. Хлесткиной. Санкт-Петербург: ВИР; 2023. 51 с.).

The Decree of the President of the Russian Federation No. 164 dated March 5, 2020a “On Foundations of the Russian Federation State Policy in the Arctic for the Period up to 2035”: Official Internet-Portal of the Legal Information; 2020. [in Russian] (Указ Президента Российской Федерации от 5 марта 2020 №164 «Об основах государственной политики Российской Федерации в Арктике на период до 2035 года»: официальный интернет-портал правовой информации). URL: <http://publication.pravo.gov.ru/document/0001202003050019> [дата обращения: 18.03.2023].

The Decree of the President of the Russian Federation No. 645 dated October 26, 2020b “On the strategy for the development of the Arctic Zone of the Russian Federation and ensuring National Security until 2035”: Official Internet-Portal of the Legal Information; 2020. [in Russian] (Указ Президента Российской Федерации от 26 октября 2020 №645 «О стратегии развития Арктической зоны Российской Федерации и обеспечения национальной безопасности на период до 2035 года»: официальный интернет-портал правовой информации). URL: <http://publication.pravo.gov.ru/document/0001202010260033> [дата обращения: 18.03.2023].

Информация об авторах

Елена Константиновна Хлесткина, доктор биологических наук, профессор РАН, директор, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова (ВИР), 190000 Россия, г. Санкт-Петербург, ул. Большая Морская, 42, 44, director@vir.nw.ru, <https://orcid.org/0000-0002-8470-8254>

Юлия Васильевна Ухатова, кандидат биологических наук, заместитель директора по научно-организационной работе, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова (ВИР), 190000 Россия, г. Санкт-Петербург, ул. Большая Морская, 42, 44, y.ukhatova@vir.nw.ru, <https://orcid.org/0000-0001-9366-0216>

Лилия Юрьевна Шипилина, кандидат биологических наук, старший научный сотрудник отдела агроботаники и *in situ* сохранения генетических ресурсов растений, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова (ВИР), 190000 Россия, г. Санкт-Петербург, ул. Большая Морская, 42, 44, l.shipilina@vir.nw.ru, <https://orcid.org/0000-0001-7590-3173>

Алексей Алексеевич Заварзин, кандидат биологических наук, заместитель директора по научно-организационной работе, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова (ВИР), 190000 Россия, г. Санкт-Петербург, ул. Большая Морская, 42, 44, a.zavarzin@vir.nw.ru, <https://orcid.org/0000-0003-1793-7556>

Information about the authors

Elena K. Khlestkina, Dr. Sci. (Biology), Professor of the RAS, Director, N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources (VIR), 42, 44, Bolshaya Morskaya Street, St. Petersburg, 190000 Russia, director@vir.nw.ru, <https://orcid.org/0000-0002-8470-8254>

Yulia V. Ukhatova, Cand. Sci. (Biology), Deputy Director for Scientific and Organizational Work, N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources (VIR), 42, 44, Bolshaya Morskaya Street, St. Petersburg, 190000 Russia, y.ukhatova@vir.nw.ru, <https://orcid.org/0000-0001-9366-0216>

Liliya Yu. Shipilina, Cand. Sci. (Biology), Senior Researcher, Department of Agrobotany and *in situ* conservation of plant genetic resources, N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources (VIR), 42, 44, Bolshaya Morskaya Street, St. Petersburg, 190000 Russia, l.shipilina@vir.nw.ru, <https://orcid.org/0000-0001-7590-3173>

Aleksey A. Zavarzin, Cand. Sci. (Biology), Deputy Director for Scientific and Organizational Work, N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources (VIR), 42, 44, Bolshaya Morskaya Street, St. Petersburg, 190000 Russia, a.zavarzin@vir.nw.ru, <https://orcid.org/0000-0003-1793-7556>

Вклад авторов: все авторы сделали эквивалентный вклад в подготовку публикации.

Contribution of the authors: the authors contributed equally to this article.

Конфликт интересов: авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

Conflict of interests: the authors declare no conflicts of interests.

Статья поступила в редакцию 22.03.2023; одобрена после рецензирования 25.03.2023; принята к публикации 28.03.2023.

The article was submitted on 22.03.2023; approved after reviewing on 25.03.2023; accepted for publication on 28.03.2023.

Краткое сообщение

УДК 575:60:631.52(476)(092)

DOI: 10.30901/2658-6266-2023-1-04



К юбилею академика Любови Владимировны Хотылёвой

Е. К. Хлесткина^{1,2,3}, В. К. Шумный^{2,3}, А. А. Нижников^{2,4,5}, И. А. Тихонович^{2,4,5}

¹Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова, Санкт-Петербург, Россия

²Вавиловское общество генетиков и селекционеров, Санкт-Петербург, Россия

³Федеральный исследовательский центр Институт цитологии и генетики СО РАН, Новосибирск, Россия

⁴Санкт-Петербургский государственный университет, Санкт-Петербург, Россия

⁵Всероссийский научно-исследовательский институт сельскохозяйственной микробиологии, Санкт-Петербург, Россия

Автор, ответственный за переписку: Елена Константиновна Хлесткина, director@vir.nw.ru

12 марта 2023 года юбилей у академика Национальной академии наук (НАН) Беларуси Любови Владимировны Хотылёвой, одного из крупнейших специалистов мирового уровня в области генетики сельскохозяйственных растений. Ею опубликовано более 400 научных трудов, получено 18 авторских свидетельств на сорта и изобретения. Л.В. Хотылёва почти четверть века руководила Институтом генетики и цитологии НАН Беларуси, воспитала несколько поколений ученых. Под её руководством защитили свои диссертации шесть докторов и 43 кандидата наук. В разные годы Любовь Владимировна являлась вице-президентом Всесоюзного общества генетиков и селекционеров имени Н.И. Вавилова, президентом Белорусского общества генетиков и селекционеров, состояла в президиумах Высшей аттестационной комиссии (ВАК) Беларуси и ВАК России, была академиком-секретарем биологического отделения НАН Беларуси. Л.В. Хотылёва ведет важную научно-организационную работу как один из крупнейших экспертов в области генетики растений, член редакционных коллегий ряда специализированных периодических изданий.

Ключевые слова: Любовь Владимировна Хотылёва, кукуруза, тритикале, пшеница, генетика, гетерозис, анеуплоидия, селекция

Для цитирования: Хлесткина Е.К., Шумный В.К., Нижников А.А., Тихонович И.А. К юбилею академика Любови Владимировны Хотылёвой. *Биотехнология и селекция растений*. 2023;6(1):39-46. DOI: 10.30901/2658-6266-2023-1-04

Прозрачность финансовой деятельности. Авторы не имеют финансовой заинтересованности в представленных материалах или методах. Авторы благодарят рецензентов за их вклад в экспертную оценку этой работы. Мнение журнала нейтрально к изложенным материалам, авторам и их месту работы.

© Хлесткина Е.К., Шумный В.К., Нижников А.А., Тихонович И.А., 2023

Brief communication

DOI: 10.30901/2658-6266-2023-1-04

On the anniversary of Academician Lyubov Vladimirovna Khotyleva

Elena K. Khlestkina^{1,2,3}, Vladimir K. Shumny^{2,3}, Anton A. Nizhnikov^{2,4,5}, Igor A. Tikhonovich^{2,4,5}¹N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources, St. Petersburg, Russia²Vavilov Society of Geneticists and Breeders, St. Petersburg, Russia³Institute of Cytology and Genetics SB RAS, Novosibirsk, Russia⁴St. Petersburg State University, St. Petersburg, Russia⁵All-Russia Research Institute for Agricultural Microbiology, St. Petersburg, Russia**Corresponding author:** Elena K. Khlestkina, director@vir.nw.ru

March 12, 2023 is the anniversary of Lyubov Vladimirovna Khotyleva, Academician of the National Academy of Sciences (NAS) of Belarus, one of the world's largest specialists in the field of genetics of agricultural plants. She published more than 400 scientific works, received 18 copyright certificates for varieties and inventions. Lyubov V. Khotyleva directed the Institute of Genetics and Cytology of the NAS of Belarus for almost a quarter of a century, raised several generations of scientists. Under her leadership, six Doctors and 43 Candidates of Sciences defended their theses. In different years, Lyubov Vladimirovna was the Vice-President of the N.I. Vavilov All-Union Society of Geneticists and Breeders, the President of the Belarus Society of Geneticists and Breeders, was a member of the presidium of the Higher Attestation Commission (VAK) of Belarus and VAK of Russia, was an Academician-Secretary of the Biological Department of the NAS of Belarus. L.V. Khotyleva carries out important scientific and organizational work as one of the prominent experts in the field of plant genetics, member of the editorial boards of several specialized periodicals.

Keywords: Lyubov Vladimirovna Khotyleva, maize, triticale, wheat, genetics, heterosis, aneuploidy, breeding**For citation:** Khlestkina E.K., Shumny V.K., Nizhnikov A.A., Tikhonovich I.A. On the anniversary of Academician Lyubov Vladimirovna Khotyleva. *Plant Biotechnology and Breeding*. 2023;6(1):39-46. (In Russ.). DOI: 10.30901/2658-6266-2023-1-04

Financial transparency. The authors have no financial interest in the presented materials or methods. The authors thank the reviewers for their contribution to the peer review of this work. The journal's opinion is neutral to the presented materials, the authors, and their employers.

© Khlestkina E.K., Shumny V.K., Nizhnikov A.A., Tikhonovich I.A., 2023

Выдающийся исследователь в области генетики и селекции растений академик НАН Беларуси Любовь Владимировна Хотылёва хорошо известна коллегам в России, Республике Беларусь и других странах, в первую очередь как специалист по вопросам гетерозиса, генетики количественных признаков, разработчик методов оценки исходного материала при селекции на гетерозис (Khotyleva, 1965; Turbin et al., 1974; Khotyleva, Tarutina, 1982; Turbin et al., 1982; Kilchevskii, Khotyleva, 1985; Kilchevsky, Khotyleva, 1989; Tarutina, Khotyleva, 1990; Shapturenko et al., 2014; Shapturenko, Khotyleva, 2016; Shapturenko et al., 2018; Khotyleva et al., 2021), соавтор сортов тритикале и ряда овощных культур.

Под руководством Любви Владимировны защитили свои диссертации шесть докторов наук и 43 кандидата наук. Научная школа, возглавляемая академиком Л.В. Хотылёвой – это ведущие специалисты в различных направлениях генетики, цитологии и биотехнологии (по вопросам мутагенеза, хромосомных нарушений при анеуплоидии, нехромосомной наследственности, популяционной генетики, хромосомной инженерии, клеточной инженерии).

Под ее руководством проведены комплексные исследования в области частной генетики, биохимии, физиологии и селекции культурных растений: льна (Yurenkova et al., 1995; Muravenko et al., 2003; Yurenkova et al., 2005; Titok et al., 2006; Titok et al., 2010a; 2010b; Rachinskaya et al., 2011; Lemesh et al., 2013; Galinousky et al., 2014; Pydiura et al., 2015; Galinousky et al., 2019; Galinousky et al., 2020a; 2020b), тритикале (Khotyleva et al., 1977; Khotyleva et al., 1986; Чайка et al., 1991; Leonova et al., 2005; Orlovskaya et al., 2012; Orlovskaya et al., 2015a;), кукурузы (Orlovskaya et al., 2015b; Orlovskaya et al., 2016a; 2016b; Vakula et al., 2018a), пшеницы (Khotyleva et al., 1984; Leonova et al., 2013; Orlovskaya et al., 2015c; Shapturenko et al., 2016; Orlovskaya et al., 2018; Vakula et al., 2018b; Orlovskaya et al., 2020; Orlovskaya et al., 2021; Orlovskaya et al., 2022; Orlovskaya et al., 2023) и ряда овощных культур (Titok et al., 1995; Shapturenko et al., 2016; Shapturenko et al., 2018).

Итогом многолетних исследований научной школы, возглавляемой академиком Хотылёвой, стало важнейшее издание «Генетические основы селекции растений» (в четырех томах), научным редактором которого выступила Л.В. Хотылёва (Kilchevsky, Khotyleva (eds), 2008-2014; Kilchevsky, Khotyleva (eds), 2018-2020).

С развитием в конце 1990-х – начале 2000-х годов молекулярной генетики и геномной инженерии, а затем и геномики, академик Хотылёва активно содействовала внедрению в учебные процессы курсов «Молекулярная генетика», «Генная инженерия», «Геномика», «Молекулярная диагностика», выступала редактором современных учебных материалов по этим направлениям.

Творческий путь Любви Владимировны начался в Кинельском сельскохозяйственном институте, затем продолжился в Сельскохозяйственном институте в Горках

Могилевской области, после этого – в аспирантуре кафедры генетики Московского государственного университета им. М.В. Ломоносова. Ее кандидатская диссертация была связана с проблемами генетики и селекции кукурузы (Khotyleva, 1953). С 1953 по 1955 год работала на Кабардинской селекционной опытной станции, а затем вернулась в Беларусь, где до 1963 года работала в Институте биологии, а затем в Институте генетики и цитологии. В 1965 году Л.В. Хотылёва защитила диссертацию на соискание ученой степени доктора биологических наук (Khotyleva, 1966). В 1971 году Любовь Владимировна была избрана директором Института генетики и цитологии и проявила себя как яркий организатор науки. Под ее руководством за без малого четверть века институт занял лидирующие позиции среди биологических институтов в СССР и вошел в число ведущих генетических центров на постсоветском пространстве. В 1972 году Л.В. Хотылёва стала членом-корреспондентом, а в 1980-м – академиком АН БССР. В 1992 году была избрана академиком-секретарем Отделения биологических наук НАНБ (Sushchenya et al., 2008; Khotyleva, 2013; Kilchevsky et al., 2018).

Результаты научной деятельности Л.В. Хотылёвой получили широкое международное признание. В 1978 году Любовь Владимировна стала председателем XIV Всемирного генетического конгресса, проходившего в Москве, позже представляла страну с докладами на последующих международных генетических конгрессах.

Любовь Владимировна являлась вице-президентом Всесоюзного общества генетиков и селекционеров имени Н.И. Вавилова (ВОГиС, ныне Вавиловское общество генетиков и селекционеров), затем президентом Белорусского общества генетиков и селекционеров, состояла в президиумах ВАК Беларуси и ВАК России.

Л.В. Хотылёва ведет важную работу в составе редакционных коллегий ряда белорусских и российских журналов, включая «Доклады Национальной академии наук Беларуси», «Сельскохозяйственная биология» и «Биотехнология и селекция растений».

Академик Хотылёва – лауреат государственной премии Белорусской ССР, премий Национальной академии наук Республики Беларусь и Сибирского отделения РАН. Любовь Владимировна носит звания заслуженного деятеля наук Республики Беларусь, почетного доктора Сибирского отделения Российской академии наук. Ее достижения отмечены орденами и медалями, в том числе орденом Ленина, орденом Трудового Красного Знамени и медалью Н.И. Вавилова.

Президиум ВОГиС от лица генетиков и селекционеров России выражает уважение и глубокую признательность выдающемуся ученому, верному коллеге и мудрому наставнику – академику Любви Владимировне Хотылёвой, и желает новых достижений ей и возглавляемой ею научной школе на благо генетической науки!



Рис. Академик Хотылёва Любовь Владимировна (Фото из открытого доступа, URL: <https://csl.bas-net.by/personalii/68888/hotyleva-lyubov-vladimirovna/#gallery>)

Fig. Academician Lyubov Vladimirovna Khotyleva (Photo from open access, URL: <https://csl.bas-net.by/personalii/68888/hotyleva-lyubov-vladimirovna/#gallery>)

References / Литература

- Chaika M.T., Reshetnikov V.N., Romanova A.K., Bobodzhanov V.A., Bobodzhanova M.B., Bozhko I.I., Boychenko V.A., Veevnik A.I., Voynilo V.A., Gordey I.A., Kaller S.A., Karpilova I.F., Turbin N.V., Khotyleva L.V. Photosynthetic apparatus and triticale breeding (Fotosinteticheskiy apparat i selektsiya tritikale). N.V. Turbin, L.V. Khotyleva (eds). Minsk: Nauka i tekhnika; 1991. 240 p. [in Russian] (Чайка М.Т., Решетников В.Н., Романова А.К., Бободжанов В.А., Бободжанова М.Б., Божко И.И., Бойченко В.А., Веевник А.И., Войнило В.А., Гордей И.А., Каллер С.А., Карпилова И.Ф., Турбин Н.В., Хотылева Л.В. Фотосинтетический аппарат и селекция тритикале / под ред. Н.В. Турбина, Л.В. Хотылевой. Минск: Наука и техника; 1991. 240 с.).
- Galinousky D., Padvitski T., Bayer G., Pirko Y., Pydiura N., Anisimova N., Nikitinskaya T., Khotyleva L., Yemets A., Kilchevsky A., Blume Y. Expression analysis of cellulose synthase and main cytoskeletal protein genes in flax (*Linum usitatissimum* L.). *Cell Biology International*. 2019;43(9):1065-1071. DOI: 10.1002/cbin.10837
- Galinousky D., Padvitski T., Mokshina N., Gorshkov O., Khotyleva L., Gorshkova T., Kilchevsky A. Expression of cellulose synthase-like genes in two phenotypically distinct flax (*Linum usitatissimum* L.) subspecies. *Genetic Resources and Crop Evolution*. 2020a;67:1821-1837. DOI: 10.1007/s10722-020-00943-2
- Galinousky D.V., Anisimova N.V., Raiski A.P., Leontiev V.N., Titok V.V., Khotyleva L.V. Cellulose synthase genes that control the fiber formation of flax (*Linum usitatissimum* L.). *Russian Journal of Genetics*. 2014;50(1):20-27. DOI: 10.1134/S1022795414010050
- Galinovsky D.V., Mokshina N.E., Khotyleva L.V., Kilchevsky A.V., Gorshkova T.A. Development of genetic tools for quality control of flax-fiber (Razrabotka geneticheskikh instrumentov dlya kontrolya kachestva lnovolokna). In: *Organic Matter Technology: Proceedings of the 84th Science-technical Conference devoted to the 90th Anniversary of BSTU and Belarusian Science Day (with international participation) (Tekhnologiya organicheskikh veshchestv: materialy dokladov 84-y nauchno-tekhnicheskoy konferentsii, posvyashchennoy 90-letnemu yubileyu BGTU i Dnyu belorusskoy nauki (s mezhdunarodnym uchastiem); 2020 February 03-14; Minsk, Belarus; Minsk: Belarusian State Technological University; 2020b. p.290-292. [in Russian] (Галиновский Д.В., Мокшина Н.Е., Хотылева Л.В., Кильчевский А.В., Горшкова Т.А. Разработка генетических инструментов для контроля качества льноволокна. В кн.: Технология органических веществ: материалы докладов 84-й научно-технической конференции, посвященной 90-летию юбилею БГТУ и Дню белорусской науки (с международным участием); 03-14 февраля 2020 г. Минск, Беларусь. Минск: БГТУ; 2020b. С.290-292). URL: https://elibrary.ru/download/elibrary_42681869_21816842.pdf [дата обращения: 10.03.2023].*
- Khotyleva L.V. Comparison of methods for producing maize hybrids for seed production (Sravnenie sposobov polucheniya gibridov kukuruzy dlya tseley semenovodstva) [dissertation]. Moscow: Lomonosov Moscow State University; 1953. 146 p. [in Russian] (Хотылева Л.В. Сравнение способов получения гибридов кукурузы для целей семеноводства: дис. ... канд. биол. наук.

- Москва: МГУ; 1953. 146 с.).
- Khotyleva L.V. Principles and methods of breeding for combining ability (Principy i metody seleksii na kombinatsionnyu sposobnost) [dissertation abstract]. Minsk: V.I. Lenin Belarusian State University; 1966. 46 p. [in Russian] (Хотылева Л.В. Принципы и методы селекции на комбинационную способность: автореф. дис. ... д-ра биол. наук. Минск: Белорусский государственный университет имени В.И. Ленина; 1966. 46 с.). URL: <https://viewer.rsl.ru/ru/rsl01000786384?page=1&rotate=0&theme=white> [дата обращения: 10.03.2023].
- Khotyleva L.V. Hybrid maize breeding. Principles and methods of breeding for combining ability (Seleksiya gibridnoy kukuruzy. Printsipy i metody seleksii na kombinatsionnyu sposobnost). Minsk: Nauka i tekhnika; 1965. 168 p. [in Russian] (Хотылева Л.В. Селекция гибридной кукурузы. Принципы и методы селекции на комбинационную способность. Минск: Наука и техника; 1965. 168 с.).
- Khotyleva L.V., Kilchevsky A.V., Shapurenko M.N., Tarutina L.A., Titok V.V. Genetic basis of heterosis (Geneticheskie osnovy geterozisa). Minsk: Bielaruskaja Navuka; 2021. 226 p. [in Russian] (Хотылева Л.В., Кильчевский А.В., Шапуренко М.Н., Тарутина Л.А., Титок В.В. Генетические основы гетерозиса. Минск: Беларуская навука; 2021. 226 с.).
- Khotyleva L.V., Shevelukha T.A., Deeva V.P., Ermishin A.P. Genetic control of morphophysiological and physiological-biochemical processes in spring wheat (Geneticheskiy kontrol morfofiziologicheskikh i fiziologo-biokhimicheskikh processov u yarovoy pshenitsy). Minsk: Nauka i tekhnika; 1984. 149 p. [in Russian] (Хотылева Л.В., Шевелуха Т.А., Деева В.П., Ермишин А.П. Генетический контроль морфофизиологических и физиолого-биохимических процессов у яровой пшеницы. Минск: Наука и техника; 1984. 149 с.).
- Khotyleva L.V., Shuba A.A., Schwartz M.K. Achievements in breeding and genetics of triticale (Dostizheniya v seleksii i genetike tritikale). Moscow: VNIITEISH; 1977. 45 p. [in Russian] (Хотылева Л.В., Шуба А.А., Шварц М.К. Достижения в селекции и генетике тритикале. Москва: ВНИИТЭИСХ; 1977. 45 с.).
- Khotyleva L.V., Tarutina L.A. Genotype–environment interaction: (estimation methods) (Vzaimodeystvie genotipa i sredy: (metody otsenki)). Minsk: Nauka i tekhnika; 1982. 109 p. [in Russian] (Хотылева Л.В., Тарутина Л.А. Взаимодействие генотипа и среды: (методы оценки). Минск: Наука и техника; 1982. 109 с.).
- Khotyleva L.V., Turbin N.V., Tarutina L.A., Bozhko I.I., Atrashenok N.V., Pchenko V.P., Bormotov V.E., Scherbakova A.M., Volodin V.G., Lobotskaya L.I., Raimkulov K.R., Bobojanov V.A., Kravtsova A.S. Triticale: Creation and perspectives for usage (Tritikale: Sozdanie i perspektivy ispolzovaniya). Minsk: Nauka i tekhnika; 1986. 215 p. [in Russian] (Хотылева Л.В., Турбин Н.В., Тарутина Л.А., Божко И.И., Атрашенок Н.В., Ильченко В.П., Бормотов В.Е., Шербакова А.М., Володин В.Г., Лоботская Л.И., Раимкулов К.Р., Бободжанов В.А., Кравцова А.С. Тритикале: Создание и перспективы использования. Минск: Наука и техника; 1986. 215 с.).
- Kilchevskii A.V., Khotyleva L.V. Determination of adaptability of genotypes and differentiating ability of the environment. *Doklady of the Academy of Sciences of the BSSR*. 1985;29(4):374-376. [in Russian] (Кильчевский А.В., Хотылева Л.В. Определение адаптивной способности генотипов и дифференцирующей способности среды. *Доклады Академии наук БССР*. 1985;29(4):374-376).
- Kilchevsky A.V., Khotyleva L.V. (eds). Genetic basis of plant breeding (Geneticheskie osnovy seleksii rasteniy). In 4 volumes. Minsk: Bielaruskaja navuka; 2008-2014. [in Russian] (Генетические основы селекции растений. В 4 томах / науч. ред. А.В. Кильчевский, Л.В. Хотылева. Минск: Беларуская навука; 2008-2014).
- Kilchevsky A.V., Khotyleva L.V. (eds). Genetic Basis of Plant Breeding (Geneticheskie osnovy seleksii rasteniy). In 4 volumes. Vol. 1-2. 2nd ed. Minsk: Bielaruskaja navuka; 2018-2020. [in Russian] (Генетические основы селекции растений. В 4-х томах. Т. 1-2 / науч. ред. А.В. Кильчевский, Л.В. Хотылева. 2-е изд. Минск: Беларуская навука; 2018-2020).
- Kilchevsky A.V., Khotyleva L.V. Genotype and environment in plant breeding (Genotip i sreda v seleksii rasteniy). Minsk: Nauka i tekhnika; 1989. 191 p. [in Russian] (Кильчевский А.В., Хотылева Л.В. Генотип и среда в селекции растений. Минск: Наука и техника; 1989. 191 с.).
- Kilchevsky A.V., Nikiforov M.E., Volotovskiy I.D., Lemesh V.A., Titok V.V., Ermishin A.P., Sycheva E.A. Lyubov Vladimirovna Khotyleva (for the anniversary). *Proceedings of the National Academy of Sciences of Belarus. Biological Series*. 2018;63(2):245-247. (Кильчевский А.В., Никифоров М.Е., Волотовский И.Д., Лемеш В.А., Титок В.В., Ермишин А.П., Сычева Е.А. Любовь Владимировна Хотылева (к юбилею). *Весті Нацыянальнай акадэміі навук Беларусі. Серія біялагічных навук*. 2018;63(2):245-247). URL: <https://vestibio.belnauka.by/jour/article/view/368/349> [дата обращения: 20.02.2023].
- Lemesh V.A., Bogdanova M.V., Semashko T.V., Beinya V.A., Kilchevskiy A.V., Khotyleva L.V. Polymorphism of flax (*Linum usitatissimum* L.) microsatellite loci as a basis for genetic certification of varieties. *Doklady of the National Academy of Sciences of Belarus*. 2013;57(2):74-78. [in Russian] (Лемеш В.А., Богданова М.В., Семашко Т.В., Бейня В.А., Кильчевский А.В., Хотылева Л.В. Полиморфизм микросателлитных локусов льна (*Linum usitatissimum* L.) как основа генетической паспортизации сортов. *Доклады Национальной академии наук Беларуси*. 2013;57(2):74-78).
- Leonova I.N., Badaeva E.D., Orlovskaya O.A., Röder M.S., Khotyleva L.V., Salina E.A., Shumny V.K. Comparative characteristic of *Triticum aestivum*/*Triticum durum* and *Triticum aestivum*/*Triticum dicoccum* hybrid lines by genomic composition and resistance to fungal diseases under different environmental conditions. *Russian Journal of Genetics*. 2013;49(11):1112-1118. DOI: 10.1134/S1022795413110136
- Leonova I.N., Dobrovolskaya O.B., Kaminskaya L.N., Adonina I.G., Koren L.V., Khotyljova L.V., Salina E.A. Molecular analysis of the Triticale lines with different *Vrn* gene systems using microsatellite markers and hybridization *in situ*. *Russian Journal of Genetics*. 2005;41(9):1014-1020. DOI: 10.1007/s11177-005-0193-7
- Lyubov Vladimirovna Khotyleva. *Agricultural Biology*. 2013;(3):126. [in Russian] (Любовь Владимировна Хотылева. *Сельскохозяйственная биология*. 2013;(3):126). URL: <http://www.agrobiology.ru/articles/3-2013khotyleva.pdf> [дата обращения: 20.02.2023].
- Muravenko O.V., Lemesh V.A., Samatadze T.E., Amosova A.V., Grushetskaya Z.E., Popov K.V., Semenova O.Yu., Khotyleva L.V., Zelenin A.V. Genome comparisons with chromosomal and molecular markers for three closely related flax species and their hybrids. *Russian Journal of Genetics*. 2003;39(4):414-421. DOI: 10.1023/A:1023309831454
- Orlovskaya O.A., Koren L.V., Khotyleva L.V. Evaluation of genetic polymorphism of spring triticale accessions (*× Triticosecale* Wittmack) based on RAPD and ISSR markers. *Vavilov Journal of Genetics and Breeding*. 2012;16(1):279-284. [in Russian] (Орловская О.А., Корень Л.В., Хотылева Л.В. Оценка генетического полиморфизма образцов яровой тритикале (*× Triticosecale* Wittmack) посредством RAPD- и ISSR-маркеров. *Вавиловский журнал генетики и селекции*. 2012;16(1):279-284).
- Orlovskaya O.A., Kubrak S.V., Vakula S.I., Khotyleva L.V., Kilchevsky A.V. Marker-assisted identification of maize genotypes with improved protein quality. *Vavilov Journal of Genetics and Breeding*. 2015b;19(3):333-338. [in Russian] (Орловская О.А., Кубрак С.В., Вакула С.И., Хотылева Л.В., Кильчевский А.В. Маркер-контролируемое выявление генотипов кукурузы с улучшенным качеством белка. *Вавиловский журнал генетики и селекции*. 2015b;19(3):333-338). DOI: 10.18699/VJ15.043
- Orlovskaya O.A., Leonova I.N., Salina E.A., Khotyleva L.V. Features of chromosome behavior in meiosis in the common wheat lines containing genetic material of tetraploid wheat species. *Ecological genetics*. 2015c;13(1):16-25. [in Russian] (Орловская О.А., Леонова И.Н., Салина Е.А., Хотылева Л.В. Особенности поведения хромосом в мейозе у линий

- мягкой пшеницы с интрогрессией генетического материала тетраплоидных видов рода *Triticum*. *Экологическая генетика*. 2015c;13(1):16-25. DOI: 10.17816/ecogen1316-25
- Orlovskaya O.A., Vakula S.I., Khotyleva L.V. Study of bread wheat lines with genetic material of *Triticum* species for resistance to fungal diseases. *Agricultural Biology*. 2021;56(1):171-182. [in Russian] (Орловская О.А., Вакула С.И., Хотылева Л.В. Устойчивость линий мягкой пшеницы с генетическим материалом видов рода *Triticum* к грибным болезням. *Сельскохозяйственная биология*. 2021;56(1):171-182). DOI: 10.15389/agrobiology.2021.1.171rus
- Orlovskaya O.A., Vakula S.I., Khotyleva L.V., Kilchevsky A.V. Association of total carotenoid level in maize grain (*Zea mays* L.) with polymorphic site InDell in *PSY1* gene. *Ecological genetics*. 2016a;14(3):28-34. [in Russian] (Орловская О.А., Вакула С.И., Хотылева Л.В., Кильчевский А.В. Ассоциация уровня общего содержания каротиноидов в зерне кукурузы (*Zea mays* L.) с аллельным полиморфизмом сайта InDell гена *PSY1*. *Экологическая генетика*. 2016a;14(3):28-34). DOI: 10.17816/ecogen14328-34
- Orlovskaya O.A., Vakula S.I., Khotyleva L.V., Kilchevsky A.V. Grain quality in bread wheat lines *T. aestivum* with introgression of genetic material *T. dicoccoides* and *T. dicoccum*. *Doklady of the National Academy of Sciences of Belarus*. 2018;62(6):712-718. [in Russian] (Орловская О.А., Вакула С.И., Хотылева Л.В., Кильчевский А.В. Качество зерна у линий мягкой пшеницы *T. aestivum* с интрогрессией генетического материала *T. dicoccoides* и *T. dicoccum*. *Доклады Национальной академии наук Беларуси*. 2018;62(6):712-718). DOI: 10.29235/1561-8323-2018-62-6-712-718
- Orlovskaya O.A., Vakula S.I., Khotyleva L.V., Kilchevsky A.V. Mineral composition of bread wheat lines with introgressions of alien genetic material. *Proceedings on applied botany, genetics and breeding*. 2023;184(1):42-52. [in Russian] (Орловская О.А., Вакула С.И., Хотылева Л.В., Кильчевский А.В. Минеральный состав зерна линий мягкой пшеницы с интрогрессиями чужеродного генетического материала. *Труды по прикладной ботанике, генетике и селекции*. 2023;184(1):42-52). DOI: 10.30901/2227-8834-2023-1-42-52
- Orlovskaya O.A., Vakula S.I., Kubrak S.V., Khotyleva L.V., Kilchevsky A.V. Evaluation of *LcyE* and *CrtR1* gene polymorphisms associated with an increased content of provitamin A in maize grain (*Zea mays* L.) in the collection of samples of different eco-geographical origin. *Doklady of the National Academy of Sciences of Belarus*. 2016b;60(3):100-104. [in Russian] (Орловская О.А., Вакула С.И., Кубрак С.В., Хотылева Л.В., Кильчевский А.В. Оценка полиморфизмов генов *LcyE* и *CrtR1*, ассоциированных с повышенным уровнем провитамина А в зерне кукурузы (*Zea mays* L.), в коллекции образцов различного эколого-географического происхождения. *Доклады Национальной академии наук Беларуси*. 2016b;60(3):100-104).
- Orlovskaya O.A., Vakula S.I., Yatsевич K.K., Khotyleva L.V., Kilchevsky A.V. Productivity and grain nutritional value traits in wheat genotypes with different *NAM-B1* gene allelic variations. *Doklady of the National Academy of Sciences of Belarus*. 2022;66(5):517-524. [in Russian] (Орловская О.А., Вакула С.И., Яцевич К.К., Хотылева Л.В., Кильчевский А.В. Показатели продуктивности и питательной ценности зерна у генотипов пшеницы с различными аллелями гена *NAM-B1*. *Доклады Национальной академии наук Беларуси*. 2022;66(5):517-524). DOI: 10.29235/1561-8323-2022-66-5-517-524
- Orlovskaya O.A., Yatsевич K.K., Vakula S.I., Khotyleva L.V., Kilchevsky A.V. Characterization of high molecular weight glutenin subunits in wild emmer wheat (*Triticum dicoccoides*). *Cytology and Genetics*. 2020;54(3):199-205. DOI: 10.3103/S009545272003010X
- Orlovskaya O.A., Leonova I.N., Adonina I.G., Salina E.A., Khotyleva L.V., Shumny V.K. Molecular-cytogenetic analysis of triticale and wheat lines with introgressions of the tribe Triticeae species genetic material. *Vavilov Journal of Genetics and Breeding*. 2015a;19(5):552-560. [in Russian] (Орловская О.А., Леонова И.Н., Адонина И.Г., Салина Е.А., Хотылева Л.В., Шумный В.К. Молекулярно-цитогенетический анализ линий тритикале и пшеницы с интрогрессиями генетического материала видов трибы Triticeae. *Вавиловский журнал генетики и селекции*. 2015a;19(5):552-560). DOI: 10.18699/VJ15.072
- Pydiura N.A., Bayer G.Y., Galinovsky D.V., Yemets A.I., Pirko Y.V., Padvitski T.A., Anisimova N.V., Khotyleva L.V., Kilchevsky A.V., Blume Y.B. Bioinformatic search for cellulose synthase genes in flax (*Linum usitatissimum*) and their phylogenetic analysis. *Cytology and Genetics*. 2015;49(5):279-287. DOI: 10.3103/S0095452715050084
- Rachinskaya O.A., Lemesh V.A., Muravenko O.V., Yurkevich O.Y., Guzenko E.V., Bol'sheva N.L., Bogdanova M.V., Samatadze T.E., Popov K.V., Malyshev S.V., Shostak N.G., Heller K., Khotyleva L.V., Zelenin A.V. Genetic polymorphism of flax *Linum usitatissimum* based on the use of molecular cytogenetic markers. *Russian Journal of Genetics*. 2011;47(1):56-65. DOI: 10.1134/S1022795411010108
- Shapturenko M.N., Khotyleva L.V. Heterosis: current advances in the search for molecular mechanisms. *Vavilov Journal of Genetics and Breeding*. 2016;20(5):683-694. [in Russian] (Шаптуренко М.Н., Хотылева Л.В. Гетерозис: современные тенденции в изучении молекулярных механизмов. *Вавиловский журнал генетики и селекции*. 2016;20(5):683-694). DOI: 10.18699/VJ16.188
- Shapturenko M.N., Pechkovskaya T.V., Vakula S.I., Jakimovich A.V., Zabara Yu.M., Khotyleva L.V. Informative EST-SSR markers for genotyping and intraspecific differentiation of *Brassica oleracea* var. *capitata* L. *Vavilov Journal of Genetics and Breeding*. 2016;20(1):51-56. [in Russian] (Шаптуренко М.Н., Печковская Т.В., Вакула С.И., Якимович А.В., Забара Ю.М., Хотылева Л.В. Информативные EST-SSR-маркеры для типирования и внутривидовой дифференциации *Brassica oleracea* var. *capitata* L. *Вавиловский журнал генетики и селекции*. 2016;20(1):51-56). DOI: 10.18699/VJ16.133
- Shapturenko M.N., Tarutina L.A., Mishin L.A., Kilchevsky A.V., Khotyleva L.V. DNA divergence as a criterion of a sweet pepper (*Capsicum annuum* L.) selection for heterosis. *Russian Journal of Genetics*. 2014;50(2):123-130. DOI: 10.1134/S1022795414020148
- Shapturenko M.N., Vakula S.V., Korzun V., Khotyleva L.V. High-throughput SNP array for genetic diversity evaluation within hexaploid wheat in Belarus. *Doklady of the National Academy of Sciences of Belarus*. 2016;60(4):98-103. [in Russian] (Шаптуренко М.Н., Вакула С.В., Корзун В., Хотылева Л.В. SNP-анализ генетического разнообразия пшеницы Беларуси. *Доклады Национальной академии наук Беларуси*. 2016;60(4):98-103).
- Shapturenko M.N., Vakula S.V., Tarutina L.A., Nikitinskaya T.V., Pechkovskaya T.V., Mishin L.A., Khotyleva L.V. Allelic and epigenetic DNA variation in relation to F₁ heterosis manifestation in F₁ hybrids of *Capsicum annuum* L. *Vavilov Journal of Genetics and Breeding*. 2018;22(7):812-819. DOI: 10.18699/VJ18.425
- Sushchenya L.M., Volotovskiy I.D., Kartel N.A., Kilchevsky A.V., Lubov Khotyleva. *Ecological genetics*. 2008;6(1):43-45. [in Russian] (Сушчэня Л.М., Вологовский И.Д., Картель И.А., Кильчевский А.В. Любовь Владимировна Хотылева (к 80-летию со дня рождения). *Экологическая генетика*. 2008;6(1):43-45). DOI: 10.17816/ecogen6143-45
- Tarutina L.A., Khotyleva L.V. Gene interaction in heterosis (Vzaimodeystvie genov pri geterozise). Minsk: Nauka i tekhnika; 1990. 176 p. [in Russian] (Тарутина Л.А., Хотылева Л.В. Взаимодействие генов при гетерозисе. Минск: Наука и техника; 1990. 176 с.).
- Titok V., Khotyleva L., Leontiev V., Shostak L. Thermogravimetric analysis of the flax bast fibre bundle. *Journal of Natural Fibers*. 2006;3(1):35-41. DOI: 10.1300/J395v03n01_04
- Titok V., Yurenkova S., Nikitinskaya T., Khotyleva L., Leontiev V., Barannikova T. Infrared spectroscopy of fiber flax. *Journal of Natural Fibers*. 2010a;7(1):61-69. DOI: 10.1080/15440470903579275
- Titok V.V., Lemesh V.A., Yurenkova S.I., Khotyleva L.V. Genetics, physiology and biochemistry of flax (Genetika, fiziologiya i biokhimiya l'na). Minsk: Belaruskaya navuka; 2010b. 220 p. [in Russian] (Титок В.В., Лемеш В.А., Юренкова С.И., Хотылева Л.В. Генетика, физиология и биохимия льна.

- Минск: Беларуская навука; 2010b. 220 с.).
- Titok V.V., Rusinova O.V., Khotyleva L.V. Changes of nicotinamide coenzymes and adenylate energy charge in leaves of hybrid and parental tomato forms in an *in vitro* culture. *Biologia Plantarum*. 1995;37(4):507-513. DOI: 10.1007/BF02908828
- Turbin N.B., Khotyleva L.V., Tarutina L.A. Diallelic analysis in plant breeding (Diallelnyi analiz v selektsii rasteniy). Minsk: Nauka i tekhnika; 1974. 184 p. [in Russian] (Турбин Н.Б., Хотылева Л.В., Тарутина Л.А. Диаллельный анализ в селекции растений. Минск: Наука и техника; 1974. 184 с.).
- Turbin N.V., Konarev V.G., Khotyleva L.V., Shumny V.K., Fedin M.A., Shakhbazov V.G., Palilova A.N., Starova N.V., Kaminskaya L.N., Novoselova A.S., Rubtsov M.I., Rubtsova M.S., Akhmetov R.R., Gilyazetdinov Sh.Ya., Rashal I.D., Rudenko V.N., Molchan I.M., Presnukhina L.P., Dyakov A.B., Sokolov V.A., Vershinin A.V., Adler E.N., Galimova I.V., Piskovatsky Yu.M. Heterosis (Geterozis). Minsk: Nauka i tekhnika; 1982. 247 p. [in Russian] (Турбин Н.В., Конарев В.Г., Хотылева Л.В., Шумный В.К., Федин М.А., Шахбазов В.Г., Палилова А.Н., Старова Н.В., Каминская Л.Н., Новоселова А.С., Рубцов М.И., Рубцова М.С., Ахметов Р.Р., Гилязетдинов Ш.Я., Рашаль И.Д., Руденко В.Н., Молчан И.М., Преснухина Л.П., Дьяков А.Б., Соколов В.А., Вершинин А.В., Адлер Э.Н., Галимова И.В., Писковацкий Ю.М. Гетерозис. Минск: Наука и техника; 1982. 247 с.).
- Vakula S.I., Orlovskaya O.A., Khotyleva L.V., Kilchevsky A.V. SSR loci potentially associated with high amylopectine content in maize kernel endosperm. *Vavilov Journal of Genetics and Breeding*. 2018a;22(6):640-647. [in Russian] (Вакула С.И., Орловская О.А., Хотылева Л.В., Кильчевский А.В. SSR-локусы, потенциально ассоциированные с высоким содержанием амилопектина в эндосперме зерна кукурузы. *Вавиловский журнал генетики и селекции*. 2018a;22(6):640-647). DOI: 10.18699/VJ18.405
- Vakula S.I., Orlovskaya O.A., Khotyleva L.V., Leonova I.N. Manifestation of productivity traits in *Triticum aestivum*/T. *timopheevii* introgression lines in different environmental conditions. *Agricultural Biology*. 2018b;53(5):916-926. [in Russian] (Вакула С.И., Орловская О.А., Хотылева Л.В., Леонова И.Н. Оценка признаков продуктивности у интрогрессивных линий *Triticum aestivum*/T. *timopheevii* в различных экологических условиях. *Сельскохозяйственная биология*. 2018b;53(5):916-926). DOI: 10.15389/agrobiol.2018.5.916rus
- Yurenkova S.I., Khotyleva L.V., Tsebrikov Y.V. Tissue-specific expression of esterase isoenzymes in *Linum usitatissimum* L. *Biologia Plantarum*. 1995;37(3):375-379. DOI: 10.1007/BF02913982
- Yurenkova S.I., Kubrak S.V., Titok V.V., Khotyljova L.V. Flax species polymorphism for isozyme and metabolic markers. *Russian Journal of Genetics*. 2005;41(3):256-261. DOI: 10.1007/s11177-005-0082-0

Информация об авторах

Елена Константиновна Хлесткина, доктор биологических наук, профессор РАН, директор, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова (ВИР), 190000 Россия, Санкт-Петербург, ул. Большая Морская, 42, 44, director@vir.nw.ru, <https://orcid.org/0000-0002-8470-8254>

Владимир Константинович Шумный, доктор биологических наук, академик РАН, профессор, советник РАН, Федеральный исследовательский центр Институт цитологии и генетики СО РАН, 630090 Россия, Новосибирск, пр. Академика Лаврентьева, 10, shumny@bionet.nsc.ru, <https://orcid.org/0000-0003-1939-6140>

Антон Александрович Нижников, доктор биологических наук, профессор РАН, заведующий лабораторией №7 Протеомики надорганизменных систем, Всероссийский научно-исследовательский институт сельскохозяйственной микробиологии, 196608 Россия, Санкт-Петербург, Пушкин, 8, ш. Подбельского, 3; Профессор, и.о. заведующего кафедрой генетики и биотехнологии, Санкт-Петербургский государственный университет, 199034 Россия, Санкт-Петербург, Университетская наб., 7/9, a.nizhnikov@arriam.ru, <https://orcid.org/0000-0002-8338-3494>

Игорь Анатольевич Тихонович, доктор биологических наук, академик РАН, профессор, декан биологического факультета, Санкт-Петербургский государственный университет, 199034 Россия, Санкт-Петербург, Университетская наб., 7/9; научный руководитель, Всероссийский научно-исследовательский институт сельскохозяйственной микробиологии, 196608 Россия, Санкт-Петербург, Пушкин 8, ш. Подбельского, 3; президент ВОГиС, Вавиловское общество генетиков и селекционеров, 196608 Россия, Санкт-Петербург, Пушкин 8, ш. Подбельского, 3, igor.tikhonovich49@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0001-8968-854X>

Information about the authors

Elena K. Khlestkina, Dr. Sci. (Biology), Professor of the Russian Academy of Sciences (RAS), Director, N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources (VIR), 42, 44 Bolshaya Morskaya Street, St. Petersburg, 190000 Russia, director@vir.nw.ru, <https://orcid.org/0000-0002-8470-8254>

Vladimir K. Shumny, Dr. Sci. (Biology), Academician of the RAS, Professor, Adviser of the RAS at the Institute of Cytology and Genetics of the Siberian Branch of the Russian Academy of Sciences, 10, Academician Lavrentiev Avenue, Novosibirsk, 630090 Russia, shumny@bionet.nsc.ru, <https://orcid.org/0000-0003-1939-6140>

Anton A. Nizhnikov, Dr. Sci. (Biology), Professor of the RAS, Head of the Laboratory for Proteomics of Supra-Organismal Systems, All-Russia Research Institute for Agricultural Microbiology, 3, Podbelsky Highway, Pushkin, St. Petersburg, 196608 Russia; Professor, Acting Head of Genetics and Biotechnology Department, St. Petersburg State University, 7/9, Universitetskaya Embankment, St. Petersburg, 199034 Russia, nizhnikov@arriam.ru, <https://orcid.org/0000-0002-8338-3494>

Igor A. Tikhonovich, Dr. Sci. (Biology), Academician of the RAS, Professor, Dean of the Faculty of Biology, St. Petersburg State University, 7/9, Universitetskaya Embankment, St. Petersburg, 199034 Russia; Scientific Director, All-Russia Research Institute for Agricultural Microbiology, 3, Podbelsky Highway, Pushkin, St. Petersburg, 196608 Russia; President, Vavilov Society of Geneticists and Breeders (VOGiS), 3, Podbelsky Highway, Pushkin, St. Petersburg, 196608 Russia, igor.tikhonovich49@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0001-8968-854X>

Вклад авторов: все авторы сделали эквивалентный вклад в подготовку публикации.

Contribution of the authors: the authors contributed equally to this article.

Конфликт интересов: авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

Conflict of interests: the authors declare no conflicts of interests.

Статья поступила в редакцию 12.03.2023; одобрена после рецензирования 15.03.2023; принята к публикации 18.03.2023.

The article was submitted on 12.03.2023; approved after reviewing on 15.03.2023; accepted for publication on 18.03.2023.

Plant Biotechnology and Breeding is a scientific periodical publishing on its pages original research results, review articles, protocols and methods in the field of applied crop biotechnology; works on conventional breeding of food, forage, industrial and other crops combined with in vitro technologies and methods of genomic and marker-oriented breeding, genome editing, distant hybridization, cell and chromosome engineering, as well as brief communications on the results of the work of leading biotechnological and plant breeding conferences and congresses. The journal is published four times a year. The languages of publications: Russian and English. The publications in the journal are free of charge.

Plant Biotechnology and Breeding

Advanced search

HOME | ABOUT | CURRENT | ARCHIVES | ANNOUNCEMENTS | ONLINE FIRST

Plant Biotechnology and Breeding is a scientific periodical publishing on its pages original research results, review articles, protocols and methods in the field of applied crop biotechnology; works on conventional breeding of food, forage, industrial and other crops combined with in vitro technologies and methods of genomic and marker-oriented breeding, genome editing, distant hybridization, cell and chromosome engineering, as well as brief communications on the results of the work of leading biotechnological and plant breeding conferences and congresses. The journal is published four times a year. The languages of publications: Russian and English. The publications in the journal are free of charge. [Read more](#)

CURRENT ISSUE

Vol 5, No 4 (2022) [View or download the full issue](#) [PDF \(RUSSIAN\)](#)

FROM THE EDITOR IN CHIEF

Introductory Article

E. K. Khlestkina

[PDF \(RUS\)](#)

4-5 72

[Abstract](#)

STUDY OF PLANT GENETIC RESOURCES USING MOLECULAR GENETICS METHODS

Nomenclatural standards and genetic passports of potato cultivars bred by the Omsk Agrarian Research Center

D. A. Rybakov, A. I. Cheremisin, O. Yu. Antonova, I. G. Chukhina, T. A. Gavrilchenko

[PDF \(RUS\)](#)

6-23 739

Start submission

Author Guidelines

Editorial Board

Editorial Council

Peer Review

Publishing Ethics

OPEN ACCESS

WoS

AGRI

АНТИПЛАГИАТ

DOAJ

AGRIS

СОЦИОНЕТ

research4life

LENS.ORG

LIBRARY.RU

Google

РОССИЙСКИЙ ЦЕНТРАЛЬНЫЙ БИБЛИОТЕКА

Science Index

WorldCat

Mendeley

CC

unpaywall

Baidu

OpenAlex

Scilit

HEURO

НАЦИОНАЛЬНАЯ АКАДЕМИЯ НАУК И ТЕХНИЧЕСКИХ НАУК

<https://biosel.elpub.ru>

«Биотехнология и селекция растений» - это периодический научный журнал, на страницах которого публикуются оригинальные результаты исследований, обзорные статьи, протоколы и методы в области прикладной биотехнологии культурных растений; работы по традиционной селекции продовольственных, кормовых, технических и других культур в сочетании с технологиями *in vitro*, методами геномной и маркер-ориентированной селекции, геномного редактирования, отдаленной гибридизации, клеточной и хромосомной инженерии, а также публикуются краткие сообщения о результатах работы ведущих биотехнологических и селекционных конференций и конгрессов. Журнал выходит четыре раза в год. Языки публикации: русский, английский. Публикации в журнале бесплатные.

The screenshot displays the website for the journal "Биотехнология и селекция растений". At the top, there is a navigation bar with links: ГЛАВНАЯ, О НАС, ТЕКУЩИЙ ВЫПУСК, АРХИВЫ, ОБЪЯВЛЕНИЯ, and ПРИНЯТО В ПЕЧАТЬ. A search bar is located below the navigation. The main content area features a featured article titled "«Биотехнология и селекция растений» - это периодический научный журнал..." with a "Читать далее" link. Below this, there is a section for the current issue: "Текущий выпуск" (Volume 5, Issue 4, 2022), with a "Скачать выпуск PDF" link. A sidebar on the right contains links for "Отправить статью", "Правила для авторов", "Редакционная коллегия", "Редакционный совет", "Рецензирование", and "Этика публикаций". At the bottom of the sidebar, there is a grid of logos for various databases and services including DOAJ, AGRIS, СОЦИОНЕТ, research4life, LENS.ORG, LIBRARY.RU, Google, Российская государственная библиотека, Science Index, WorldCat, Mendeley, CC, unpaywall, Bai 学术, OpenAlex, Scilit, and others. The page also includes a "ПОПУЛЯРНЫЕ СТАТЬИ" section at the bottom.

<https://biosel.elpub.ru>

ISSN 2658-6266 (Print); ISSN 2658-6258 (Online)

4 номера в год (ежеквартально) / Publication frequency: Quarterly

<https://biosel.elpub.ru>; e-mail: pbi@vir.nw.ru

Языки: русский, английский / Languages: Russian, English

Индексируется в РИНЦ (НЭБ), DOAJ / Indexed/abstracted by Russian Index of Science Citation, DOAJ

Открытый доступ к полным текстам / Open access to full texts:

<https://biosel.elpub.ru>

<http://www.vir.nw.ru/pbi/>

https://www.elibrary.ru/title_about_new.asp?id=69575

Требования к статьям и правила рецензирования, электронный архив в открытом доступе и иная дополнительная информация размещены на сайте журнала <https://biosel.elpub.ru> / Full information for authors, reviewers, and readers (open access to electronic versions and subscription to print editions) can be found at <https://biosel.elpub.ru>

Прием статей через электронную редакцию на сайте журнала <https://biosel.elpub.ru>. Предварительно необходимо зарегистрироваться как автору, затем в правом верхнем углу страницы выбрать «Отправить рукопись». После завершения загрузки материалов обязательно выбрать опцию «Отправить письмо», в этом случае редакция автоматически будет уведомлена о получении новой рукописи / Manuscripts are accepted via the online editing resource at the Journal's website <https://biosel.elpub.ru>. The sender needs to register as the author and select in the upper righthand corner "Send a manuscript". After the loading of the materials, the option "Send a letter" is to be chosen, so that the editors would be automatically informed that a new manuscript has been received.

Научный редактор: *д.б.н. Е.И. Михайлова*

Переводчик: *С.В. Шувалов*

Корректор: *С.В. Шувалов*

Компьютерная верстка: *Г.К. Чухин*

Адрес редакции:

Россия, 190000, Санкт-Петербург, ул. Большая Морская, д. 42

Тел.: (812) 314-49-14; e-mail: pbi@vir.nw.ru; i.kotielkina@vir.nw.ru

Почтовый адрес редакции

Россия, 190000, Санкт-Петербург, ул. Большая Морская, д. 42, 44

Подписано в печать 31.03.2023. Формат 70×100¹/₈.

Бумага офсетная. Печать офсетная.

Печ. л. 6. Тираж 30 экз. Заказ № 379/3.

Федеральное государственное бюджетное научное учреждение

«Федеральный исследовательский центр

Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова» (ВИР),

редакционно-издательский сектор ВИР

Россия, 190000, Санкт-Петербург, ул. Большая Морская, д. 42

БИОТЕХНОЛОГИЯ
И СЕЛЕКЦИЯ
РАСТЕНИЙ

6(1), 2023