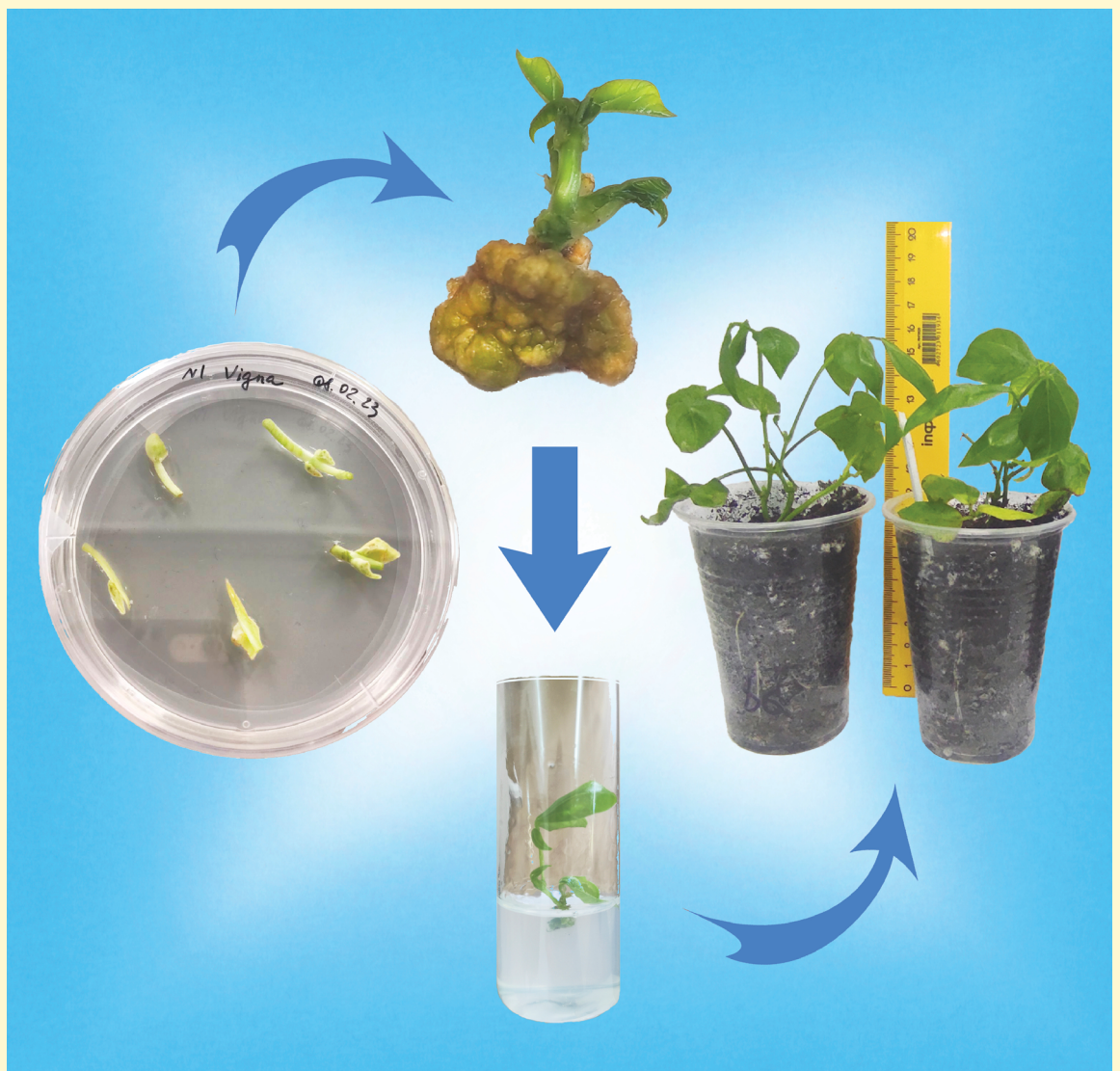


# БИОТЕХНОЛОГИЯ И СЕЛЕКЦИЯ РАСТЕНИЙ

8(2), 2025



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

2025, 8(2)

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](mailto:pbi@vir.nw.ru)

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

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

DOI: 10.30901/2658-6266-2025-2  
УДК: 573.6:631.527

ПИ № ФС77-74475  
ISSN: 2658-6266 (Print)  
ISSN: 2658-6258 (Online)

#### На обложке:

**Фото:** Стадии эксперимента в условиях *in vitro*. Адаптация растений-регенерантов вигны к нестерильным условиям.

**Материалы к статье:** Крылова Е.А., Ефремова О.С., Вилис П.С., Хлесткина Е.К., Ухатова Ю.В. Протокол получения трансформантов вигны (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.) – носителей редактирующих конструкций. *Биотехнология и селекция растений*. DOI: 10.30901/2658-6266-2025-2-04

SCIENTIFIC PEER REVIEWED JOURNAL

# PLANT BIOTECHNOLOGY AND BREEDING

2025, 8(2)

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](mailto: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:

**Photo:** Stages of the *in vitro* experiment. Adaptation of cowpea regenerated plants to non-sterile conditions

**Materials for the article:** Krylova E.A., Efremova O.S., Vilis P.S., Khlestkina E.K., Ukhatoeva Y.V. Protocol for obtaining *Vigna unguiculata* (L.) Walp. transformants carrying editing constructs. *Plant Biotechnology and Breeding*. DOI: 10.30901/2658-6266-2025-2-04

## Биотехнология и селекция растений

2025 Том 8 № 2

DOI: 10.30901/2658-6266-2025-2  
<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 № ФС77-74475 от 30 ноября 2018 г.

**Учредитель:** Федеральное государственное бюджетное научное учреждение

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

**Адрес учредителя:** Россия, 190000, Санкт-Петербург, ул. Большая Морская, д. 42, 44

### Главный редактор:

**Е. К. Хлесткина** – д.б.н., профессор РАН,  
член-корреспондент 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** (Россия)

### 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)  
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., профессор РАН, академик РАН (Россия)  
А. В. Кильчевский – д.б.н., академик НАНБ (Беларусь)  
Н. А. Колчанов – д.б.н., академик РАН (Россия)  
В. Н. Корзун – д.б.н. (Германия)  
А. В. Кочетов – д.б.н., профессор РАН, академик 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. Моргунов – к.с.-х.н. (Казахстан)  
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)  
В. К. Шумный – д.б.н., академик РАН (Россия)

### Редакционная коллегия:

Е. Е. Андронов – д.б.н. (Россия)  
Д. А. Афонников – д.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., член-корреспондент РАН (Россия)  
Т. А. Гасанова – к.с.-х.н. (Россия)  
С. В. Герасимова – к.б.н. (Россия)  
М. С. Гинс – д.б.н., профессор РАН, член-корреспондент РАН (Россия)  
С. В. Гончаров – д.б.н. (Россия)  
Р. О. Давоян – д.б.н. (Россия)  
Я. Н. Демуринов – д.б.н. (Россия)  
М. Г. Дивашук – к.б.н. (Россия)  
Е. В. Думачева – д.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., член-корреспондент 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., член-корреспондент РАН (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)  
К. Г. Ткаченко – д.б.н. (Россия)  
Е. К. Туруспекоев – 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)  
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

2025 Volume 8 No 2  
DOI: 10.30901/2658-6266-2025-2  
<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 (VIR)  
Founder's address: 42, 44, Bolshaya Morskaya Street, St. Petersburg, 190000, Russia

### Editor-in-Chief:

**E. K. Khlestkina** – Dr. Sci. in Biol., Professor of the RAS,  
Corr. Member of the RAS (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** (Russia)

### 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 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., Professor of the RAS, Full Member of the RAS (Russia)  
P. N. Kharchenko – Dr. Sci. in Biol., Full Member of the RAS (Russia)  
A. V. Kilchevsky – Dr. Sci. in Biol., Corr. Member of the NAS of Belarus (Belarus)  
A. V. Kochetov – Dr. Sci. in Biol., Professor of the RAS, Full Member of the RAS (Russia)  
N. A. Kolchanov – Dr. Sci. in Biol., Full Member of the RAS (Russia)  
V. N. Korzun – Dr. Sci. in Biol. (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 – Cand. Sci. in Agricul. (Kazakhstan)  
A. A. Romanenko – Dr. Sci. in Agricul., Full Member of the RAS (Russia)  
V. Roychev – Dr. Sci. in Agricul. (Bulgaria)  
A. V. Ryndin – Dr. Sci. in Agricul., Full Member of the RAS (Russia)  
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 – Dr. Sci. in Biol. (Russia)  
E. E. Andronov – Dr. 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)  
E. V. Dumacheva – Dr. 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., Corr. Member of the RAS (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., Professor of the RAS, 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. Kurkiev – 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., Corr. Member of the RAS (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)  
O. Yu. Shoeva – Cand. Sci. in Biol. (Russia)  
A. V. Smykov – Dr. Sci. in Agricul. (Russia)  
A. A. Soloviev – Dr. Sci. in Biol., Professor of the RAS (Russia)  
I. I. Suprun – Cand. Sci. in Biol. (Russia)  
K. G. Tkachenko – Dr. 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., Corr. Member of the RAS (Russia)

## СОДЕРЖАНИЕ

ОТ ГЛАВНОГО РЕДАКТОРА	5
<i>Е. К. Хлесткина</i> ВСТУПИТЕЛЬНАЯ СТАТЬЯ	
МЕТОДЫ БИОТЕХНОЛОГИИ В СЕЛЕКЦИИ И СЕМЕНОВОДСТВЕ РАСТЕНИЙ	7
<i>Крылова Е.А., Ефремова О.С., Вилис П.С., Хлесткина Е.К., Ухатова Ю.В.</i> <i>Научная статья</i> Протокол получения трансформантов вигны ( <i>Vigna unguiculata</i> (L.) Walp.) – носителей редактирующих конструкций	
ИЗУЧЕНИЕ ГЕНЕТИЧЕСКИХ РЕСУРСОВ РАСТЕНИЙ С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ МЕТОДОВ МОЛЕКУЛЯРНОЙ ГЕНЕТИКИ	16
<i>Андреева А.С., Ляпунова О.А., Матвиенко И.И., Анисимова И.Н.</i> <i>Научная статья</i> Генотипирование образцов твердой пшеницы <i>Triticum durum</i> Desf. по локусам генов, определяющих скорость развития и чувствительность к фотопериоду ( <i>Vrn, Ppd</i> )	
<i>Гончаренко А.О., Багмет Л.В., Петрова М.Н., Антонова О.Ю.</i> <i>Научная статья</i> Молекулярный скрининг коллекции груши, поддерживаемой на Майкопской опытной станции ВИР, на наличие маркеров генов устойчивости к парше	27
<i>Шамшин И.Н., Тележинский Д.Д., Шлявас А.В.</i> <i>Научная статья</i> Анализ генов устойчивости к парше и бактериальному ожогу у сортов яблони селекции Свердловской селекционной станции садоводства с использованием молекулярных маркеров	38
<i>Гавриленко Т.А., Чухина И.Г., Антонова О.Ю., Ухатова Ю.В., Хлесткина Е.К.</i> <i>Обзорная статья</i> Развитие Комплексной стратегии регистрации сортового генофонда в генбанках – совершенствование методов генетической паспортизации и сортовой идентификации	48

## CONTENTS

FROM THE EDITOR IN CHIEF	5
<i>E. K. Khlestkina</i> INTRODUCTORY ARTICLE	
BIOTECHNOLOGY TECHNIQUES IN PLANT BREEDING AND SEED PRODUCTION	7
<i>Krylova E.A., Efremova O.S., Vilis P.S., Khlestkina E.K., Ukhatova Yu.V.</i> <i>Original article</i> Protocol for obtaining <i>Vigna unguiculata</i> (L.) Walp. transformants carrying editing constructs	
STUDY OF PLANT GENETIC RESOURCES USING MOLECULAR GENETICS METHODS	16
<i>Andreeva A.S., Lyapunova O.A., Matvienko I.I., Anisimova I.N.</i> <i>Original article</i> Genotyping of <i>Triticum durum</i> Desf. wheat accessions from the VIR collection based on the loci determining the rate of development and sensitivity to photoperiod ( <i>Vrn, Ppd</i> )	
<i>Goncharenko A.O., Bagmet L.V., Petrova M.N., Antonova O.Yu.</i> <i>Original article</i> Molecular screening of the pear collection maintained at the Maikop Experiment Station of VIR for scab resistance gene markers	27
<i>Shamshin I.N., Telezhinskiy D.D., Shlyavas A.V.</i> <i>Original article</i> Molecular marker analysis of genes of resistance to scab and fire blight in the apple cultivars bred at the Sverdlovsk Horticultural Breeding Station	38
<i>Gavrilenko T.A., Chukhina I.G., Antonova O. Yu., Ukhatova Yu.V., Khlestkina E.K.</i> <i>Review article</i> Development of Integrated strategy for registration of cultivar gene pools in Genebanks – improving methods of genetic profiling and cultivar identification	48

*Хлесткина Е.К., Гавриленко Т.А.,  
Чухина И.Г., Гехт М.А., Антонова О.Ю.,  
Ухатова Ю.В.*

*Обзорная статья*

Генетические паспорта: наука – экономике

*Khlestkina E.K., Gavrilenko T.A.,  
Chukhina I.G., Gekht M.A., Antonova O.Yu.,  
Ukhatova Yu.V.*

*Review article*

Genetic Passports: Science for the Economy



**Уважаемые читатели!**

В текущем выпуске вашему вниманию представлена серия работ, направленных на идентификацию источников генов и маркирование аллелей, контролирующих хозяйственно ценные признаки. Маркер-контролируемый отбор исходного материала позволяет выделять охарактеризованные источники ценных признаков, которые могут быть использованы в дальнейшем в селекции вместе с апробированными на них ДНК-маркерами. Такое сочетание исходного материала с методами лабораторного отбора позволит ускорить реализацию дальнейших селекционных программ.

В работе А. С. Андреевой с соавторами при помощи маркер-контролируемого отбора выделены 24 источника генов скороспелости твердой пшеницы.

В исследовании А. О. Гончаренко с соавторами в результате проведенного скрининга более 250 образцов мировой коллекции груши при помощи маркеров к генам устойчивости к парше *Rvn1* и *Rvn2* выявлен представляющий интерес для селекции устойчивый образец – носитель редкого гена *Rvn1*.

В статье И. Н. Шамшина с соавторами представлены результаты идентификации аллелей генов устойчивости к парше и бактериальному ожогу среди 21 сорта яблони селекции Свердловской селекционной станции садоводства. Выделены и маркированы три сорта, устойчивые к парше, и пять сортов, устойчивых к бактериальному ожогу.

Другое важное направление использования ДНК-маркеров – идентификация генотипов. Разработка методов анализа полиморфизма ДНК позволила, с одной стороны, усовершенствовать существующие подходы к менеджменту биологических (биоресурсных) коллекций, а с другой стороны, разработать новые методы сортовой идентификации для защиты интеллектуальной собственности селекционеров и контроля сортовой чистоты партий семян. Об актуальных и перспективных направлениях в сфере генетической паспортизации селекционных достижений рассказывает представленная в текущем номере обзорная статья Т. А. Гавриленко с соавторами. Об экономических предпосылках и развивающемся законодательном регулировании в этой новой с точки зрения практического внедрения области сообщает обзор Е. К. Хлесткиной с соавторами. В нем же дается хронология событий развития подходов к сортовой идентификации, которая в разные периоды базировалась на методах ботаники, классической, биохимической и молекулярной генетики, а сегодня эти возможности существенно дополняют геномные и цифровые технологии.

Отдельное внимание наш журнал уделяет публикации новых или усовершенствованных протоколов и методик в сфере генетики, селекции и биотехнологии. В текущем выпуске вашему вниманию также представлен разработанный и апробированный Е. А. Крыловой с соавторами протокол получения трансформантов вигны – носителей редактирующих конструкций. Протокол позволя-

ет получать фертильные трансформанты на уровне 6,2%.

Мы рады поделиться с Вами, уважаемые читатели, замечательной новостью. Заместитель главного редактора журнала «Биотехнология и селекция растений» («Plant Biotechnology and Breeding»), доктор биологических наук Татьяна Андреевна Гавриленко удостоена премии Правительства Санкт-Петербурга за цикл работ по изучению происхождения культурных видов картофеля, филогенетических и таксономических взаимоотношений видов рода *Solanum* L. Поздравляем Татьяну Андреевну с заслуженной высокой наградой и благодарим за неоценимый вклад в развитие биологической и сельскохозяйственной наук!



**Рисунок. Губернатор Санкт-Петербурга А. Д. Беглов вручает награду доктору биологических наук Т. А. Гавриленко.**

29 мая 2025 года<sup>1</sup>

**Figure. Governor of St. Petersburg A. D. Beglov presents an award to Doctor of Biological Sciences T. A. Gavrilenko.**

May 29, 2025<sup>1</sup>

Главный редактор,  
член-корреспондент РАН  
Е.К. Хлесткина

<sup>1</sup> Russian Academy of Sciences : [website]. 2025. (Российская академия наук : [сайт]). 2025. URL: <https://new.ras.ru/activities/news/chleny-sankt-peterburgskogo-otdeleniya-ran-i-sotrudniki-nauchnykh-organizatsiy-otdeleniya-stali-laur/>. Дата публикации: 30 мая 2025.



Научная статья

УДК 634.7:577.21

DOI: 10.30901/2658-6266-2025-2-04



## Протокол получения трансформантов вигны *Vigna unguiculata* (L.) Walp. – носителей редактирующих конструкций

Е. А. Крылова<sup>1</sup>, О. С. Ефремова<sup>1,2</sup>, П. С. Вилис<sup>1</sup>, Е. К. Хлесткина<sup>1</sup>, Ю. В. Ухатова<sup>1,2</sup><sup>1</sup>Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова, Санкт-Петербург, Россия<sup>2</sup>Научно-технологический университет «Сириус», Центр генетики и наук о жизни, Краснодарский край, Россия**Автор, ответственный за переписку:** Екатерина Александровна Крылова, e.krylova@vir.nw.ru

**Актуальность.** Для трансформации клеток высших растений чаще всего используют метод агробактериальной трансформации, при этом важное значение имеет выбор экспланта, состав питательных сред для отбора и регенерации трансформантов. Вигна *Vigna unguiculata* (L.) Walp., представитель семейства Бобовых, относится к культурам, сложно поддающимся трансформации в связи с низким регенерационным потенциалом после инокуляции агробактерией. Поиск генотипов, отличающихся высокой степенью регенерации, а также составление эффективного протокола агробактериальной трансформации являются актуальной задачей для доставки компонентов системы редактирования. Цель настоящего исследования – разработать эффективный протокол получения трансформантов вигны – носителей редактирующих конструкций. **Материалы и методы.** Разработку эффективного протокола получения трансформантов вигны для доставки компонентов системы редактирования осуществляли при использовании образцов коллекции ВИР. В качестве эксплантов использовали части семядольного узла. Для увеличения площади раневой поверхности эксплант формировали путем продольного разреза семядольного узла. Агробактериальную трансформацию проводили при использовании генетической конструкции, созданной на основе вектора pKSE401 с компонентами системы редактирования CRISPR/Cas9. Индукцию органогенеза осуществляли на питательной среде Мурасиге-Скуга с добавлением 6-бензиламинопурина. В статье описан пошаговый протокол для эффективного получения фертильных трансформантов вигны. **Результаты и обсуждение.** Мы экспериментально подтвердили способность части семядольного узла вигны к органогенезу побегов в культуре *in vitro*, а также возможность использования их в качестве эксплантов для агробактериальной трансформации с достижением частоты фертильных трансформантов на уровне 6,2% для генотипа к-642. Сравнение эффективности трансформации с данными предшествующих работ по агробактериальной трансформации вигны указывает на лучший выход трансформантов на основе предложенного нами протокола. Поскольку протокол валидирован в эксперименте с вектором, несущим компоненты системы редактирования CRISPR/Cas9, его можно рекомендовать для использования в работах по получению отредактированных растений вигны. **Заключение.** Полученные результаты агробактериальной трансформации модифицированного типа эксплантов вигны свидетельствуют о возможности успешного использования представленного протокола для генетической трансформации данной культуры. Генотип к-642, показавший эффективность не только на этапах регенерации и трансформации, но также на стадиях укоренения и последующей адаптации растений к нестерильным условиям, может быть рекомендован для дальнейших фундаментальных исследований вигны при помощи методов обратной генетики.

**Ключевые слова:** вигна, агробактериальная трансформация, регенерация *in vitro*, регенеранты, редактирование

**Благодарности:** Работа выполнена при финансовой поддержке в рамках государственного задания согласно тематическим планам ВИР по проекту №FGEM-2022-0002 «Выявление возможностей генофонда бобовых культур для оптимизации их селекции и диверсификации использования в различных отраслях народного хозяйства».

**Для цитирования:** Крылова Е.А., Ефремова О.С., Вилис П.С., Хлесткина Е.К., Ухатова Ю.В. Протокол получения трансформантов вигны (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.) – носителей редактирующих конструкций. *Биотехнология и селекция растений*. 2025;8(2):7-15. DOI: 10.30901/2658-6266-2025-2-04

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.

© Крылова Е.А., Ефремова О.С., Вилис П.С., Хлесткина Е.К., Ухатова Ю.В., 2025

## Original article

DOI: 10.30901/2658-6266-2025-2-04

## Protocol for obtaining *Vigna unguiculata* (L.) Walp. transformants carrying editing constructs

Ekaterina A. Krylova<sup>1</sup>, Olga S. Efremova<sup>1,2</sup>, Polina S. Vilis<sup>1</sup>, Elena K. Khlestkina<sup>1</sup>, Yulia V. Ukhatova<sup>1,2</sup><sup>1</sup>N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources, St. Petersburg, Russia<sup>2</sup>Sirius University of Science and Technology, Research Center of Genetics and Life Sciences, Krasnodar Region, Russia**Corresponding author:** Ekaterina A. Krylova, e.krylova@vir.nw.ru

**Background.** The method of agrobacterium mediated transformation is most often used for the transformation of higher plant cells. The choice of explant type, the composition of nutrient media for the selection and regeneration of transformants are important. Cowpea *Vigna unguiculata* (L.) Walp. is a legume crop. It is recalcitrant for transformation due to its low regeneration after agrobacterial inoculation. The search for genotypes with a high regeneration ability, as well as the creation of an effective protocol for optimal *Agrobacterium tumefaciens*-mediated transfection protocol are urgent tasks for the delivery of editing system components. The aim of this study is to develop an effective protocol for obtaining cowpea transformants carrying editing constructs. **Material and methods.** The development of the efficient protocol for obtaining cowpea transformants for the delivery of editing system components was carried out using accessions from the VIR collection. Cotyledonary node parts were used as explants formed by longitudinal incision of the cotyledon node in order to increase the wound surface area. The agrobacterium mediated transformation was performed using a vector on the base of pKSE401 with components of the CRISPR/Cas9 editing system. Organogenesis was induced on MS nutrient medium with phytohormones. The article describes a step-by-step protocol for the efficient production of fertile cowpea transformants. **Results and discussion.** We experimentally confirmed the organogenetic capacity of the cowpea cotyledonary node parts to produce shoots *in vitro*, as well as the possibility of using them as explants for agrobacterium mediated transformation. The frequency of fertile transformants was 6.2% for k-642 genotype. A comparison of the transformation efficiency with the data from previous studies on the cowpea agrobacterium mediated transformation indicates a better yield of transformants based on our proposed protocol. Since the protocol has been validated in the experiment with a vector carrying components of the CRISPR/Cas9 editing system, it can be recommended for use in studies on the production of edited cowpea plants. **Conclusion.** The obtained results of the agrobacterium mediated transformation of cowpea modified type explants indicate the possibility of successful use of the presented protocol for the genetic transformation of this crop. The k-642 genotype was efficient not only at the stages of regeneration and transformation, but also at the stages of rooting and subsequent plant adaptation to non-sterile conditions. This genotype can be recommended for further fundamental cowpea studies using reverse genetics methods.

**Keywords:** cowpea, agrobacterium mediated transformation, *in vitro* regeneration, regenerants, editing

**Acknowledgements:** The work was financially supported within the framework of the State Assignment in accordance with the thematic plans of VIR project No. FGEM-2022-0002 “Identifying possibilities in the genetic diversity of leguminous crops to optimize their breeding and diversify uses in various sectors of the national economy”.

**For citation:** Krylova E.A., Efremova O.S., Vilis P.S., Khlestkina E.K., Ukhatova Yu.V. Protocol for obtaining *Vigna unguiculata* (L.) Walp. transformants carrying editing constructs. *Plant Biotechnology and Breeding*. 2025;8(2):7-15. (In Russ.). DOI: 10.30901/2658-6266-2025-2-04

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.

© Krylova E.A., Efremova O.S., Vilis P.S., Khlestkina E.K., Ukhatova Yu.V., 2025

## Введение

В настоящее время методы геномного редактирования активно используются для получения растений с новыми заданными свойствами. Это приобретает особую актуальность при ответе на постоянно возникающие перед современным обществом новые вызовы. Система CRISPR/Cas9 является одной из наиболее разработанных и используется для внесения различных модификаций в геном растительных клеток, в том числе с целью улучшения свойств сельскохозяйственных растений (Ukhatova et al., 2023). Наиболее частым методом доставки компонентов системы редактирования остается агробактериальная трансформация, эффективность которой зависит от многих факторов, в числе которых видо- и генотип-специфические особенности, тип экспланта, условия и метод культивирования, состав питательных и инокуляционных сред, индукторы генов вирулентности, штамм агробактерии. Обязательным условием является высокая степень регенерационной способности для последующего получения полноценных растений. В первую очередь это связано с генотипом. Индукция морфогенеза регулируется на различных уровнях, а характер, соматический эмбриогенез или органогенез, зависит от типа экспланта, его возраста, генотипа, состава питательных сред (Мао et al., 2006).

Представители семейства Бобовых являются крайне сложными объектами для работ в культуре *in vitro*, отличаясь низкой способностью к корнеобразованию, достаточно сложно поддаются трансформации из-за сниженной регенерационной способности после инокуляции агробактериями (Somers et al., 2003; Efremova et al., 2017; Pratar et al., 2018). Частота получения трансформантов вигны варьирует в пределах 0,15-3,9% (Bett et al., 2019). Между тем вигна *Vigna unguiculata* (L.) Walp. относится к высокорентабельным зернобобовым культурам и имеет высокий потенциал для экспорта в Китай, Южную Корею и страны Юго-Восточной Азии. Генетическое редактирование вигны с целью улучшения хозяйственно-ценных признаков является актуальной задачей в свете перспективы селекции следующего поколения (next-generation breeding). Кроме того, нокаут генов при помощи системы редактирования является эффективным подходом обратной генетики (Ji et al., 2019; Ukhatova et al., 2023; Gerasimova et al., 2023) и служит для установления функциональной роли генов. Для вигны, как мало изученного объекта с точки зрения молекулярной генетики, эти подходы являются актуальными.

К настоящему времени число публикаций по генетическому редактированию вигны невелико (Ji et al., 2019; Juranić et al., 2020; Che et al., 2021). В одной из работ изучена функция гена – потенциального регулятора клубенькообразования в культуре бородатых (волосовидных) корней (Ji et al., 2019), в другой – применялись методы транзientной экспрессии с последующим анализом изменений на клеточном уровне (Juranić et al., 2020). Толь-

ко в третьей работе были получены растения T1; в качестве эксплантов для агробактериальной трансформации использовали эмбриональные оси. Однако примененный авторами исследования способ экспресс-оценки (Che et al., 2021) не позволяет сопоставить эффективность трансформации, которую удалось достичь в данной работе, с результатами предшествующих публикаций (Sahoo et al., 2003; Somers et al., 2003; Popelka et al., 2006; Pal et al., 2011; Behura et al., 2014; Bett et al., 2019).

Цель настоящего исследования – разработать эффективный протокол получения трансформантов вигны *V. unguiculata* – носителей редактирующих конструкций.

## Материалы и методы

Материалом для исследования послужили два образца вигны – к-640 и к-642 – из коллекции ВИР. Для работы были взяты семена репродукции 2022 года. Данные образцы вигны неоднократно изучали на опытных станциях ВИР (Burlyaeva et al., 2014), они охарактеризованы по содержанию биологически активных веществ в семенах с применением методов масс-спектрометрии, а также было детектировано распределение этих веществ с использованием лазерной микроскопии (Razgonova et al., 2022). Кроме этого, генотип к-642 был выбран как модель для проведения сравнительного транскриптомного анализа образцов в контрастных по влажности воздуха условиях (Krylova et al., 2024).

Для оценки эффективности различных стерилизующих агентов использовали 20% раствор бытового хлорсодержащего отбеливателя ACE (Procter & Gamble, Россия), 17% раствор перекиси водорода, а также 3% раствор универсального дезинфицирующего средства Велтолен-Экстра (ООО «НПО Велт», Россия). В качестве действующего вещества средство Велтолен-Экстра содержит 20% клатрат четвертичного аммониевого соединения с карбамидом.

Питательные среды:

1. Твердая безгормональная среда Мурасиге-Скуга (МС), содержащая макроэлементы, микроэлементы, витамины (Murashige, Skoog, 1962), сахарозу 30 г/л, агар 6,3 г/л, pH 5,8. После приготовления среду автоклавируют.

2. Жидкая питательная среда YEP: 5 г/л NaCl, 10 г/л бакто-триптона, 10 г/л бакто-дрожжевого экстракта. Среду необходимо автоклавируют.

3. Твердая питательная среда YEP: жидкая среда YEP с добавлением агара 15 г/л. Среду стерилизовали автоклавирующим.

4. Среда для трансформации:  $\frac{1}{2}$  МС без витаминов, сахароза 10 г/л, pH 5,8. После приготовления среду автоклавируют.

Все необходимые растворы антибиотиков: канамицин сульфат (Sigma-Aldrich, USA), рифампицин (Sigma-Aldrich, USA) и цефотаксим (Sigma-Aldrich, USA) – стерилизовали через стерильный мембранный фильтр

(размер пор 0,22 мкм) и добавляли в охлажденную до 50°C среду МС или YEP. Для активации генов вирулентности использовали ацетосирингон (HiMedia, India).

Основной задачей первого этапа является получение достаточного количества проростков для проведения дальнейшего эксперимента. Исходным материалом для введения в асептические условия служили семена вигны *V. unguiculata*. Семена в течение 15 минут тщательно промывали мыльным раствором, затем водопроводной водой. Затем поверхностно стерилизовали в течение одной минуты 96% этанолом. В качестве стерилизующего агента использовали 20% раствор бытового хлор-содержащего отбеливателя АСЕ, в котором выдерживали семена в течение 15 минут. Все дальнейшие работы проводили в ламинар-боксе. Семена трижды промывали в автоклавированной дистиллированной воде. Затем помещали их на питательную среду МС с добавлением 0,5 мг/л 6-бензиламинопурина (6-БАП). Для последующей совместной культивации с агробактерией из 7-10-дневных проростков формировали экспланты – семядольные узлы, разрезанные вдоль. Затем экспланты культивировали на питательной среде МС, в которую был добавлен 0,5 мг/л 6-БАП, в стерильных чашках Петри диаметром 9 см в темноте при температуре +25°C в течение двух суток (рис. 1а, рис. 1б).

Для агробактериальной трансформации использовали генетическую конструкцию размером 17222 пн, созданную на основе вектора pKSE401 согласно опубликованному протоколу (Xing et al., 2014). Редактирующая конструкция состояла из AtU6-26-промотора, каркаса нРНК (направляющая РНК) и AtU6-26-терминатора. В качестве селективного маркера для отбора трансформантов был использован ген устойчивости к канамицину под контролем промотора 35S вируса мозаики цветной капусты. В качестве репортерного гена использован ген, кодирующий зеленый флуоресцентный белок GFP. Для генетической трансформации использовали штамм AGL-1 *Agrobacterium tumefaciens* (Smith et Townsend) Conn., трансформацию бактерий проводили методом «замораживания-теплового шока» (Jyothishwaran et al., 2007).

Для получения суспензионной культуры агробактерии, несущей рекомбинантную плазмиду, колонию помещали в жидкую питательную среду YEP с добавлением антибиотиков рифампицина и канамицина в концентрациях соответственно 40 мг/л и 50 мг/л. Нарращивание ночной бактериальной культуры проводили в течение 14-16 часов при температуре +28-30°C на орбитальном шейкере-инкубаторе при 200 об/мин.

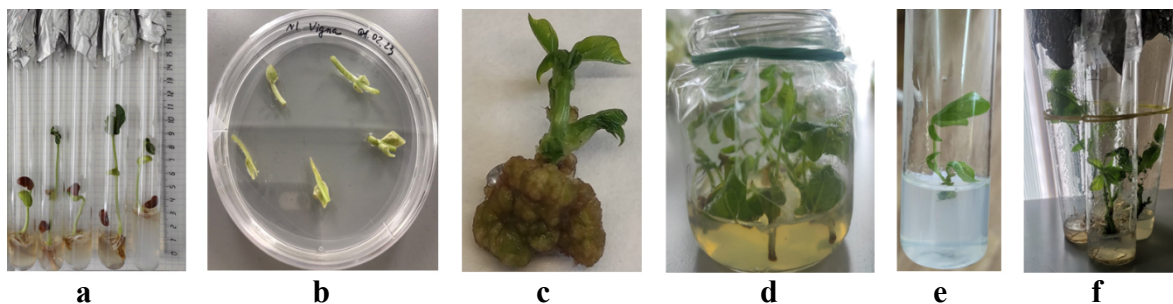
Трансформация эксплантов заключалась в их совместном культивировании с ночной культурой *A. tumefaciens*, во время которого происходит перенос Т-ДНК Ti-плазмиды агробактерии в геном растения с последующей регенерацией и отбором трансформантов на селективной сре-

де.

В условиях ламинар-бокса подготовленные экспланты помещали в 180 мл питательной среды для трансформации с добавлением 20 мл ночной бактериальной культуры и 16 мкл 100 мМ раствора ацетосирингона. Предварительно полученную агробактериальную культуру разбавляли средой для трансформации без агара до  $OD_{600} = 0,6-0,8$ . Оптическую плотность суспензии определяли на спектрофотометре NanoDrop 1000 (Thermo Fisher Scientific, США). Затем экспланты инкубировали в бактериальной суспензии в течение двух часов при температуре +30°C на орбитальном шейкере-инкубаторе при 200 об/мин. После инокулирования экспланты переносили на стерильную фильтровальную бумагу для удаления суспензии агробактерии, а затем помещали на питательную среду МС, в которую добавлен 0,5 мг/л 6-БАП. Последующее совместное культивирование агробактерии и эксплантов проводили в течение трёх суток в темноте при температуре 25°C. Контрольные экспланты не инкубировали в агробактериальной суспензии, оставляли в чашках Петри.

Трансформированные экспланты культивировали на питательной среде МС с добавлением 0,5 мг/л 6-БАП и цефотаксима в концентрации 1000 мг/л для элиминации роста агробактерии в течение 10-14 дней. Контроль пересаживали на свежую среду МС с 0,5 мг/л 6-БАП и оценивали процент регенерации. Культивирование эксплантов осуществляли в световой комнате при температуре +24-25°C; освещенности пять тыс. лк; продолжительности светового дня 16 часов. Со второго пассажа в питательную среду вводили селективный антибиотик канамицин в концентрации 25 мг/л. Время культивирования в таких условиях составляло 10-14 дней (рис. 1с, рис. 1д), после чего регенеранты переносили на свежую среду МС с добавлением 0,5 мг/л 6-БАП и канамицина в двойной концентрации 50 мг/л. Неустойчивые регенеранты со временем меняли окраску, засыхали и постепенно погибали. Полученные канамицин-устойчивые ( $Km^R$ ) регенеранты были пересажены на питательную среду для корнеобразования –  $1/2$  МС с добавлением 0,25 мг/л  $\alpha$ -нафтилуксусной кислоты (НУК) (рис. 1е, рис. 1ф). Часть регенерантов постепенно темнела и растения погибали.

Укоренившиеся трансформанты переносили в предварительно автоклавированный универсальный питательный торфогрунт, изготовленный из смеси торфяных грунтов различной степени разложения (TerraVita, Россия). Дополнительные обработки в процессе роста растений не применялись. В течение 10 дней в период адаптации растения накрывали прозрачной крышкой, которую в дальнейшем убрали (рис. 2а). Растения выращивали в климатической камере (Weiss Technik, Германия) при продолжительности светового дня 12 ч, температуре воздуха 25°C, влажности воздуха 60% (рис. 2б, 2с).

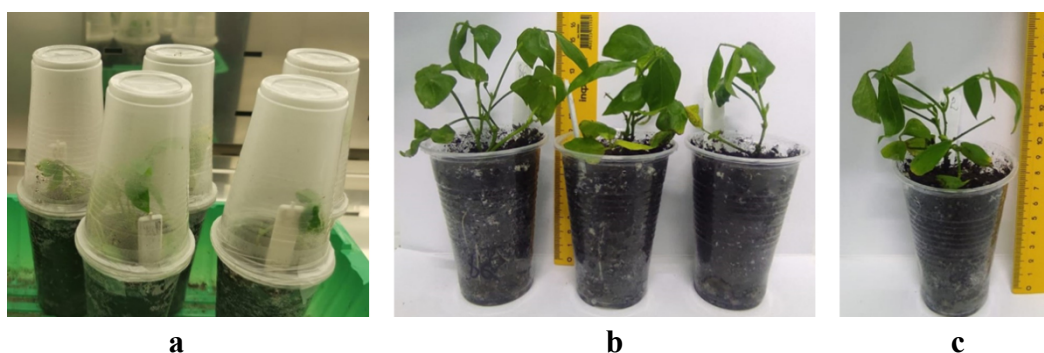


**Рис. 1. Стадии эксперимента в условиях *in vitro***

a – введение в асептические условия образца k-642, b – экспланты, семядольные узлы, разрезанные вдоль для трансформации, c – растение-регенерант, d – регенеранты на стадии селективного отбора, e, f – этап укоренения

**Fig. 1. Stages of the *in vitro* experiment**

a – introduction of k-642 to aseptic conditions, b – explants, cotyledonary nodes longitudinally incised for transformation, c – regenerated plant, d – regenerants at the stage of selective screening, e, f – plants at the rooting stage



**Рис. 2. Адаптация растений-регенерантов вигны к нестерильным условиям**

a – первый этап адаптации, b, c – последующие этапы адаптации

**Fig. 2. Adaptation of cowpea regenerated plants to non-sterile conditions**

a – first stage of adaptation, b, c – subsequent adaptation stages

Для определения статуса трансформантов проводили полимеразную цепную реакцию (ПЦР). Геномную ДНК выделяли с использованием набора «Сорб-ГМО-Б» (Синтол, Россия). Измерение концентрации выделенной ДНК проводилось с помощью спектрофотометра NanoDrop™ 2000/2000c (Thermo Fisher Scientific, США). Оценку качества препаратов ДНК проводили с использованием метода электрофореза в 1% агарозном геле. В качестве отрицательного и положительного контролей использовали препараты геномной ДНК, полученные из растений дико-го типа, и плазмидную ДНК вектора, соответственно.

Праймеры, разработанные к фрагментам генов *Cas9*, *GFP* и гену, кодирующему канамицин (*Km*), были сконструированы и проанализированы с использованием PrimerQuest™ Tool (Integrated DNA Technologies, 2024). Последовательности использованных в работе праймеров приведены в Таблице 1. Амплификацию геномной ДНК проводили в 20 мкл ПЦР-смеси. Реакционные

смеси содержали 50-100 нг ДНК матрицы, 1× реакционный буфер (67 mM трисHCl, pH 8,8; 2 mM MgCl<sub>2</sub>; 18 mM (NH<sub>4</sub>)<sub>2</sub>SO<sub>4</sub>; 0,01% Tween 20), 1,5 mM MgCl<sub>2</sub>, 0,25 mM каждого дезоксирибонуклеозидтрифосфата, по 0,5 мкМ прямого и обратного праймеров, 5 е.а./мкл ДНК полимеразы (Синтол, Россия). После первоначальной денатурации при 94°C в течение 2 мин было проведено 35 циклов при 95°C в течение 30 секунд, 55°C в течение 30 секунд и 72°C в течение 1-2 мин с последующей финальной элонгацией при 72°C в течение 5 мин. Разделение амплифицированных фрагментов ДНК проводили в 1% горизонтальном агарозном геле, приготовленном на основе буфера TAE с добавлением бромистого этидия, размеры ампликонов оценивали с помощью маркера молекулярного веса ДНК Step 100 (Биолабмикс, Россия). Для визуализации полученных продуктов использовали гель-документирующую систему Bio-Rad ChemiDoc MP (Bio-Rad, США).

Таблица 1. Праймеры, использованные в исследовании

Table 1. Primers used in the study

Ген/ Gene	Прямой праймер (5'→3')/ Forward primer (5'→3')	Обратный праймер (5'→3')/ Reverse primer (5'→3')	Ожидаемый размер продукта, пн/ Expected product size, bp
<i>Cas9</i>	CGATCAGTCGAAGAACGGCTAC	CTTCACCTTAGTCAGCTCGTTG	529
<i>GFP</i>	TGACCCTGAAGTTCATCTGC	GATCTTGAAGTTCACCTTGATGC	377
<i>Km</i>	CTCCTGCCGAGAAAGTATCC	GGTAGCCAACGCTATGTCC	353

### Результаты и обсуждение

**Введение в стерильные условия.** Для успешности проведения генетического редактирования первым этапом является подбор питательных сред и стерилизующего агента для инициации культуры в асептических условиях. Кроме этого, необходимо выбрать генотипы с высоким регенерационным потенциалом, определить оптимальный состав питательных сред для стимуляции роста и развития растений. Нами была проведена серия экспериментов по оценке эффективности различных стерилизующих агентов: 20% раствор бытового хлорсодержащего отбеливателя ACE, 17% раствор перекиси водорода, а также 3% раствор универсального дезинфицирующего средства Велтолен-Экстра – при введении в стерильные условия семян образцов вигны из коллекции ВИР. Нами была показана высокая эффективность трех вариантов стерилизации: 1) 98% в случае стерилизации ACE, 2) 95% при использовании перекиси водорода

и 3) 95% средства Велтолен-Экстра. Для дальнейших этапов работы мы использовали представленный в разделе Материалы и методы протокол стерилизации семян вигны с использованием в качестве стерилизующего вещества 20% раствора бытового хлорсодержащего отбеливателя ACE как наиболее простой.

**Агробактериальная трансформация.** Для получения растений-трансформантов одним из важнейших условий является способность культивируемых эксплантов к органогенезу и формированию полноценных побегов. Известно, что в работах по агробактериальной трансформации таких культур как вигна и соя чаще всего используют семядольный узел в качестве экспланта. Нами была модифицирована методика формирования экспланта – семядольный узел был разрезан вдоль, что способствовало увеличению площади раневой поверхности. Для получения семядольных узлов в культуру *in vitro* было введено 100 семян к-640 и 200 семян к-642. Всего было сформировано 163 экспланта к-640 и 392 к-642 (табл. 2).

Таблица 2. Сводные результаты по трансформации эксплантов вигны к-640 и к-642

Table 2. Total results of explant transformation in k-640 and k-642 cowpea accessions

Номер по каталогу ВИР/VIR Catalogue No.	Число семян, шт/ Seeds, pcs	Число контрольных эксплантов, шт/ Control explants, pcs	Частота регенерации (%)/ Regeneration frequency (%)	Число эксплантов для трансформации, шт/ Explants for transformation, pcs	Число Км <sup>R</sup> регенерантов, шт/ Km <sup>R</sup> explants, pcs	Число растений адаптированных к нестерильным условиям, шт/ Plants adapted to non-sterile conditions, pcs	Число фертильных растений, шт/ Fertile plants, pcs
к-640	100	50	98	113	13 (12%)	0	-
к-642	200	150	95	242	91 (38%)	15	15
Итого	300	200	-	355	104	15	15

Контроль, а именно экспланты, не подвергшиеся совместной инкубации с агробактерией, высаживали на питательную среду. Спустя 10-14 дней оценивали число образовавшихся растений. Полученные результаты свидетельствуют о высокой регенерационной способности включенных в опыт генотипов – более 95%.

Агробактерия и антибиотики оказывают угнетающее действие на регенерацию и рост растений. В эксперименте по агробактериальной трансформации после переноса эксплантов на питательную среду, содержащую селективный антибиотик канамицин, большее число регенеран-

тов – 91 – удалось получить для образца к-642, в то время как значительное число эксплантов образца к-640 погибли в результате некроза. Регенеранты имели разную устойчивость к селективному антибиотику, так, чувствительные к канамицину растения быстро проявляли признаки хлороза, постепенно увядали и отмирали. В процессе селекции регенерантов на питательной среде с антибиотиком всего было отобрано 104 Км<sup>R</sup> растения, большинство которых (91 растение) имели генотип к-642.

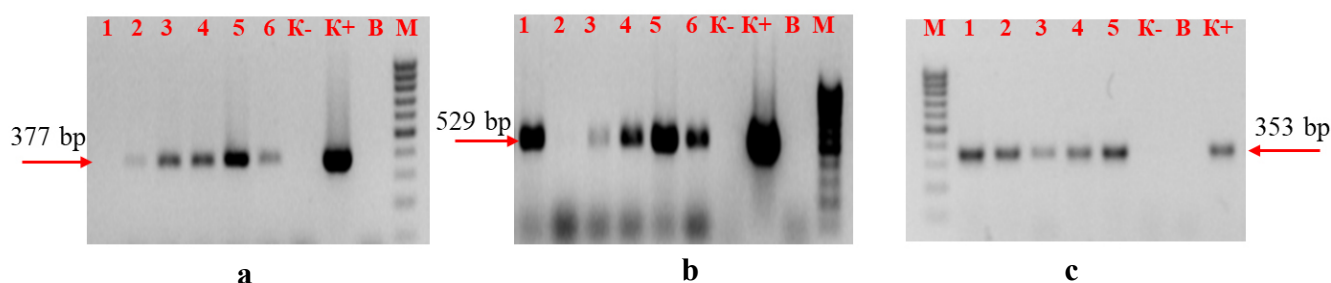
**Укоренение и адаптация к нестерильным условиям.** На следующем этапе работы было необходимо пере-

нести канамицин-устойчивые растения на питательную среду для укоренения. Для этого растения переносили на питательную среду  $1/2$  МС с добавлением 0,25 мг/л НУК. Необходимо подчеркнуть, что при проведении агробактериальной трансформации регенерационный потенциал культивируемых эксплантов вне зависимости от их типа существенно снижается. Растения, прошедшие этап агробактериальной трансформации, образуют корни намного хуже по сравнению с контрольными растениями. В итоге нам удалось получить 15 растений с хорошо развитой корневой системой, которые в последующем были адаптированы к нестерильным условиям. Со всех растений удалось собрать семена.

Эксперимент по проведению агробактериальной трансформации вигны продолжался 3-4 месяца от этапа введения семян в стерильные условия до момента пере-

вода образовавшихся, укоренившихся растений после селективного отбора на среде с канамицином в нестерильные условия почвогрунта.

**Проверка статуса регенерантов.** Для определения статуса регенерантов, устойчивых к канамицину, нами был проведен ПЦР-анализ. При амплификации с использованием специфичных праймеров (см. табл. 1) к последовательности селективного гена *Km* был получен фрагмент у большинства регенерантов: 101 растение из 104, прошедших селективный отбор на среде с антибиотиком (рис. 3с). Интеграция репортерного гена *GFP* была установлена у 64 растений-регенерантов, содержащих ген *Km* (рис. 3а). Кроме этого, со всеми препаратами геномной ДНК была выполнена ПЦР с праймерами к гену *Cas9* (рис. 3б).



**Рис. 3. ПЦР анализ растений регенерантов, устойчивых к канамицину, с помощью праймеров, разработанных к фрагментам генов:**

a – *GFP*, b – *Cas9*, c – *Km*. Стрелкой обозначен фрагмент ожидаемого размера. 1-6 – растения-регенеранты, устойчивые к канамицину, В – вода, К– – отрицательный контроль: геномная ДНК, выделенная из образца вигны к-642; К+ – положительный контроль: плазмидная ДНК на основе вектора pKSE401, М – маркер молекулярного веса ДНК Step 100

**Fig. 3. PCR analysis of regenerated kanamycin resistant plants using primers to gene fragments:**

a – with primers to the *GFP* gene, b – with primers to the *Cas9* gene, c – with primers to the *Km* gene. The arrow points to a fragment of expected size. 1-6 – regenerated kanamycin resistant plants, b – water, К– – negative control: genomic DNA isolated from cowpea accession k-642, К+ – positive control (plasmid DNA pKSE401), М – molecular weight marker DNA Step 100

По результатам ПЦР-анализа ДНК 104 растений, фрагменты ожидаемых размеров с тремя парами праймеров были детектированы у 50 регенерантов, прошедших селективный отбор на канамицине, что составляет 48% от их общего числа.

Несмотря на то, что в настоящее время для вигны разработаны протоколы *Agrobacterium*-опосредованной доставки конструкций с использованием различных типов эксплантов: семядольных узлов, семядолей, эмбриональных осей, частей стебля – частота трансформации не столь велика (Muthukumar et al., 1996; Sahoo et al., 2003; Somers et al., 2003; Popelka et al., 2006; Pal et al., 2011; Behura et al., 2014; Bett et al., 2019). В первых работах по агробактериальной трансформации вигны в качестве эксплантов использовали семядоли и для подтверждения факта трансформации применяли методику Саузерн-гибридизации, при этом авторам исследования удалось подтвердить трансформацию четырех растений, для кото-

рых не было получено семян (Muthukumar et al., 1996). При использовании семядольных узлов в качестве эксплантов, доля трансформантов с подтверждением результатов методом ПЦР, варьирует от 2% (Ignacimuthu, 2000) до 2,59% (Behura et al., 2014). Если в качестве экспланта использовали эмбриональные оси, частота трансформации также была невелика: 1-3 растений из 1000 исходных эксплантов (Popelka et al., 2006). Авторы исследований не всегда указывают частоту трансформации, отмечая только число выживших растений с подтверждением результатов методом ПЦР (Pal et al., 2011). Протоколы по доставке редактирующих конструкций с использованием агробактериальной трансформации единичны (Juranić et al., 2020; Che et al., 2021), однако сопоставить и оценить результаты по эффективности проведенной трансформации не представляется возможным. В настоящем исследовании нами предложен способ модификации формирования первичного экспланта на основе семядольных

узлов и была показана эффективность агробактериальной трансформации этого типа эксплантов вигны при использовании редактирующей конструкции на основе pKSE401. Нам удалось получить 6,2% фертильных трансформантов для образца к-642, кроме этого, по результатам ПЦР со специфическими праймерами к генам в составе редактирующей конструкции показана высокая частота трансформации, а именно 48% от общего числа регенерантов, прошедших селективный отбор на антибиотике. В дальнейшем будет проведен дальнейший поиск образцов вигны, которые, как и к-642, можно рекомендовать для экспериментов с использованием методов генетического редактирования.

### Заключение

Полученные результаты агробактериальной трансформации модифицированного типа эксплантов вигны свидетельствуют о возможности успешного использования представленного протокола для генетической трансформации данной культуры. Генотип к-642, показавший эффективность не только на этапах регенерации и трансформации, но также на стадиях укоренения и адаптации укорененных растений к нестерильным условиям, может быть рекомендован для дальнейших фундаментальных исследований вигны при помощи методов обратной генетики. Поиск генотипов для использования в работах по генетическому редактированию, разработка новых, а также модификация существующих протоколов представляются крайне актуальными задачами для получения растений с заданными свойствами. Усовершенствование и разработка технологий геномного редактирования необходимы для получения растений вигны, отвечающих требованиям, предъявляемым к культуре современным агропромышленным комплексом.

### References/Литература

Behura R., Kumar S., Saha B., Panda M.K., Dey M., Sadhukhan A., Mishra S., Alam S., Sahoo D.P., Sugla T., Sahoo L. Cowpea [*Vigna unguiculata* (L.) Walp.]. In: *Methods in Molecular Biology*. Vol. 1223. K. Wang (ed.) *Agrobacterium Protocols*. Vol. 1, Ch. 20. New York, NY: Springer Humana Press; 2014. p.255-264. DOI: 10.1007/978-1-4939-1695-5\_20

Bett B., Gollasch S., Moore A., Harding R., Higgins T.J.V. An improved transformation system for cowpea (*Vigna unguiculata* L. Walp) via sonication and a kanamycin-geneticin selection regime. *Frontiers in Plant Science*. 2019;10:219. DOI: 10.3389/fpls.2019.00219

Burlyayeva M.O., Gurkina M.V., Chebukin P.A. Screening of long-podded cowpea (*Vigna unguiculata* subsp. *sesquipedalis* (L.) Verdc.) samples from VIR collection for resistance to biotic and abiotic stressors (Skrining obraztsov sparzhevoy vigny (*Vigna unguiculata* subsp. *sesquipedalis* (L.) Verdc.) iz kolleksii VIR na ustoychivost' k abioticheskim i bioticheskim stressoram). *Breeding and seed production of vegetable crops = Seleksiya i semenovodstvo ovoshchnykh kul'tur*. 2014;45:131-141. [In Russian] (Бурляева М.О., Гуркина М.В., Чебукин П.А. Скрининг образцов спаржевой вигны (*Vigna unguiculata* subsp. *sesquipedalis* (L.) Verdc.) из коллекции ВИР на устойчивость к абиотическим и биотическим стрессорам. *Селекция и семеноводство овощных культур*. 2014;45:131-

141).

Che P., Chang S., Simon M.K., Zhang Z., Shaharyar A., Ourada J., O'Neill D., Zhang Z., Torres-Mendoza M., Guo Y., Marasigan K.M., Vielle-Calzada J.-P., Ozias-Akins P., Albertsen M.C., Jones T.J. Developing a rapid and highly efficient cowpea regeneration, transformation and genome editing system using embryonic axis explants. *The Plant Journal*. 2021;106(3):817-830. DOI: 10.1111/tpj.15202

Efremova O.S., Shkryl Y.N., Veremeichik G.N. Regeneration potential *in vitro* of soybean varieties in agrobacterial transformation. *Agrarian bulletin of Primorye*. 2017;4(8):21-23. [in Russian] (Ефремова О.С., Шкрыль Ю.Н., Веремейчик Г.Н. Регенерационный потенциал *in vitro* сортов сои (*Glycine max* (L.) Merr.) при агробактериальной трансформации. *Аграрный вестник Приморья*. 2017;4(8):21-23).

Gerasimova S.V., Kolosovskaya E.V., Vikhorev A.V., Korotkova A.M., Hertig C.W., Genaev M.A., Domrachev D.V., Morozov S.V., Chernyak E.I., Shmakov N.A., Vasiliev G.V., Kochetov A.V., Kumlehn J., Khlestkina E.K. WAX INDUCER 1 Regulates  $\beta$ -Diketone biosynthesis by mediating expression of the *Cerchu* gene cluster in barley. *International Journal of Molecular Sciences*. 2023;24:6762. DOI: 10.3390/ijms24076762

Ignacimuthu S. Agrobacterium mediated transformation of *Vigna sesquipedalis* Koern (asparagus bean). *Indian journal of experimental biology*. 2000;38(5):493-498.

Integrated DNA Technologies. PrimerQuest™ Tool. Available from: <https://eu.idtdna.com/pages/tools/primerquest> [accessed Febr. 01, 2024].

Ji J., Zhang C., Sun Z., Wang L., Duanmu D., Fan Q. Genome editing in cowpea *Vigna unguiculata* using CRISPR-Cas9. *International Journal of Molecular Sciences*. 2019;20(10):2471. DOI: 10.3390/ijms20102471

Juranić M., Nagahatenna D.S.K., Salinas-Gamboa R., Hand M.L., Sánchez León N., Leong W.H., How T., Bazanova N., Spriggs A., Vielle-Calzada J.-P., Koltunov A.M.G. A Detached leaf assay for testing transient gene expression and gene editing in cowpea (*Vigna unguiculata* [L.] Walp.). *Plant Methods*. 2020;16:88. DOI: 10.1186/s13007-020-00630-4

Jyothishwaran G., Kottresha D., Selvaraj T., Srideshikan S.H., Rajvanshi P.K., Jayabaskaran C. A modified freeze-thaw method for efficient transformation of *Agrobacterium tumefaciens*. *Current Science*. 2007;93(6):770-772.

Krylova E.A., Burlyayeva M.O., Tvorogova V.E., Khlestkina E.K. Contrast relative humidity response of diverse cowpea (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.) genotypes: deep study using RNAseq approach. *International Journal of Molecular Sciences*. 2024;25:11056. DOI: 10.3390/ijms252011056

Mao J.Q., Zaidi M.A., Arnason J.T., Altosaar I. In vitro regeneration of *Vigna unguiculata* (L.) Walp. cv. Blackeye cowpea via shoot organogenesis. *Plant Cell Tissue Organ Culture*. 2006;87:121-125. DOI: 10.1007/s11240-006-9145-8

Murashige T., Skoog F.A. A revised medium for rapid growth and bioassays with tobacco tissue cultures. *Physiologia Plantarum*. 1962;15:473-497. DOI: 10.1111/j.1399-3054.1962.tb08052.x

Muthukumar B., Mariamma M., Veluthambi K., Gnanam A. Genetic transformation of cotyledon explants of cowpea (*Vigna unguiculata* L. Walp) using *Agrobacterium tumefaciens*. *Plant Cell Report*. 1996;15:980-985. DOI: 10.1007/BF00231600

Pal J.K., Kumar S., Singh M. Genetic transformation of *Vigna unguiculata* tissue by *Agrobacterium tumefaciens*. *Indian Journal of Genetics and Plant Breeding*. 2011;71(1):84-86.

Popelka J.C., Gollasch S., Moore A., Molvig L., Higgins T.J. Genetic transformation of cowpea (*Vigna unguiculata* L.) and stable transmission of the transgenes to progeny. *Plant Cell Reports*. 2006;25(4):304-312. DOI: 10.1007/s00299-005-0053-x

Pratap A., Prajapati U., Singh C.M., Gupta S., Rathore M., Malviya N., Tomar R., Gupta A.J., Tripathi S., Singh N.P. Potential, constraints and applications of *in vitro* methods in improving grain legumes. *Plant Breeding*. 2018;137:235-249. DOI: 10.1111/pbr.12590

Razgonova M.P., Burlyayeva M.O., Zinchenko Y.N., Krylova E.A., Chunikhina O.A., Ivanova N.M., Zakharenko A.M., Golokhvast K.S. Identification and spatial distribution of bioactive compounds in seeds *Vigna unguiculata* (L.) Walp.



- by laser microscopy and tandem mass spectrometry. *Plants*. 2022;11:2147. DOI: 10.3390/plants11162147
- Sahoo L., Sugla T., Jaiwal P.K. *In vitro* regeneration and genetic transformation of cowpea, mungbean, urdbean and azuki bean In: P.K. Jaiwal; R.P. Singh (eds). *Applied Genetics of Leguminosae Biotechnology*. Dordrecht; Boston: Kluwer Academic Publishers; 2003. p.89-120.
- Somers D.A., Samac D.A., Olhoft P.M. Recent advances in legume transformation. *Plant Physiology*. 2003;131:892-899. DOI: 10.1104/pp.102.017681
- Ukhatova Y.V., Erastenkova M.V., Korshikova E.S., Krylova E.A., Mikhailova A.S., Semilet T.V., Tikhonova N.G., Shvachko N.A., Khlestkina E.K. Improvement of crops using the CRISPR/Cas System: new target genes. *Molecular Biology*. 2023;57(3):375-397. DOI: 10.1134/S0026893323030135
- Xing H.-L., Dong L., Wang Z.-P., Zhang H.-Y., Han C.-Y., Liu B., Wang X.-C., Chen Q.-J. A CRISPR/Cas9 toolkit for multiplex genome editing in plants. *BMC Plant Biology*. 2014;14:327. DOI: 10.1186/s12870-014-0327-y

### **Информация об авторах**

**Екатерина Александровна Крылова**, кандидат биологических наук, старший научный сотрудник, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова (ВИР), 190000 Россия, Санкт-Петербург, ул. Большая Морская, 42, 44, e.krylova@vir.nw.ru, <https://orcid.org/0000-0002-4917-6862>

**Ольга Сергеевна Ефремова**, кандидат сельскохозяйственных наук, ведущий специалист, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова (ВИР), 190000 Россия, Санкт-Петербург, ул. Большая Морская, 42, 44, Научно-технологический университет «Сириус», Научный центр генетики и наук о жизни, 354340 Россия, Краснодарский край, Федеральная территория «Сириус», Олимпийский пр., 1, efremo.olga2010@yandex.ru, <https://orcid.org/0000-0001-9212-2117>

**Полина Сергеевна Вилис**, лаборант-исследователь, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова (ВИР), 190000 Россия, Санкт-Петербург, ул. Большая Морская, 42, 44, p.vilis@vir.nw.ru

**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>

**Юлия Васильевна Ухатова**, кандидат биологических наук, заместитель директора, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова (ВИР), 190000 Россия, Санкт-Петербург, ул. Большая Морская, 42, 44, Научно-технологический университет «Сириус», Научный центр генетики и наук о жизни, 354340 Россия, Краснодарский край, Федеральная территория «Сириус», Олимпийский пр., 1, y.ukhatova@vir.nw.ru, <https://orcid.org/0000-0001-9366-0216>

### **Information about the authors**

**Ekaterina A. Krylova**, Cand. Sci. (Biology), Senior Researcher, N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources (VIR), 42, 44, Bolshaya Morskaya Street, St. Petersburg, 190000 Russia, e.krylova@vir.nw.ru, <https://orcid.org/0000-0002-4917-6862>

**Olga S. Efremova**, Cand. Sci. (Agriculture), Researcher, N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources (VIR), 42, 44, Bolshaya Morskaya Street, St. Petersburg, 190000 Russia, Sirius University of Science and Technology, Scientific Center for Genetics and Life Sciences, 1, Olympic Avenue, Sirius Federal Territory, Krasnodar Region, 354340 Russia, efremo.olga2010@yandex.ru, <https://orcid.org/0000-0001-9212-2117>

**Polina S. Vilis**, Laboratory Researcher, N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources (VIR), 42, 44, Bolshaya Morskaya Street, St. Petersburg, 190000 Russia, p.vilis@vir.nw.ru

**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>

**Yulia V. Ukhatova**, Cand. Sci. (Biology), Deputy Director, N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources (VIR), 42, 44, Bolshaya Morskaya Street, St. Petersburg, 190000 Russia, Sirius University of Science and Technology, Scientific Center for Genetics and Life Sciences, 1, Olympic Avenue, Sirius Federal Territory, Krasnodar Region, 354340 Russia, y.ukhatova@vir.nw.ru, <https://orcid.org/0000-0001-9366-0216>

**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 16.05.2025; одобрена после рецензирования 07.06.2025; принята к публикации 21.06.2025.

The article was submitted on 16.05.2025; approved after reviewing on 07.06.2025; accepted for publication on 21.06.2025.

Научная статья  
УДК 633.112.1:575.1.2  
DOI: 10.30901/2658-6266-2025-2-01



## Генотипирование образцов твердой пшеницы *Triticum durum* Desf. по локусам генов, определяющих скорость развития и чувствительность к фотопериоду (*Vrn*, *Ppd*)

А. С. Андреева, О. А. Ляпунова, И. И. Матвиенко, И. Н. Анисимова

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

**Автор, ответственный за переписку:** Ольга Александровна Ляпунова, o.liapounova@vir.nw.ru

**Актуальность.** Перспективным направлением селекции твердой пшеницы *Triticum durum* Desf. является создание скороспелых, не чувствительных к длине дня сортов. Источником генов важных для селекции признаков может служить коллекция генетических ресурсов пшеницы ВИР, потенциал которой по адаптивно ценным признакам мало изучен, а аллельное разнообразие по локусам генов скорости развития неизвестно. Скрининг коллекции с помощью аллель-специфичных молекулярных маркеров генов отзывчивости на яровизацию (*Vrn*) и чувствительности к фотопериоду (*Ppd*) актуален. **Материал и методы.** Выборка для генотипирования по локусам высокой скорости развития растений включала 48 образцов *T. durum*, охарактеризованных нами ранее по физиологическим свойствам и компонентам продуктивности. В молекулярном скрининге использовали восемь опубликованных в литературных источниках аллель-специфичных ПЦР-маркеров. В вегетационном опыте в условиях естественного и короткого 12-часового дня определяли коэффициент фотопериодической чувствительности. **Результаты.** С помощью диагностических маркеров у 24 образцов выявлены доминантные аллели *Vrn*, ассоциированные с яровым типом развития: 23 образца являются носителями аллеля *Vrn-A1*, определяющего яровой тип развития; у 24 образцов выявлен доминантный аллель *Vrn-B1*, тогда как аллель *Vrn-B3a* обнаружен лишь у образца Ambo 7. У 21 образца выявлены доминантные аллели *Ppd-A1* и *Ppd-B1* генов, определяющих нечувствительность к фотопериоду. В вегетационном опыте по валидации генотипов образцов с идентифицированными генами скороспелости и фотопериодической чувствительности подтверждена слабая реакция на длину дня восьми мексиканских линий с маркерами доминантных аллелей генов *Vrn* и *Ppd*. **Заключение.** По результатам фенотипического анализа и молекулярного генотипирования выделены 24 источника генов скороспелости твердой пшеницы.

**Ключевые слова:** яровой тип развития, фотопериодическая чувствительность, генотип, ПЦР-маркеры, молекулярный скрининг

**Благодарности:** работа выполнена в рамках Государственного задания согласно тематическому плану ВИР по проекту 1021052806334-9-4.1.1 «Структурирование и раскрытие потенциала наследственной изменчивости мировой коллекции зерновых и крупяных культур ВИР для развития оптимизированного генбанка и рационального использования в селекции и растениеводстве» (FGEM-2022-0009).

**Для цитирования:** Андреева А.С., Ляпунова О.А., Матвиенко И.И., Анисимова И.Н. Генотипирование образцов твердой пшеницы *Triticum durum* Desf. по локусам генов, определяющих скорость развития и чувствительность к фотопериоду (*Vrn*, *Ppd*). *Биотехнология и селекция растений*. 2025;8(2):16-26. DOI: 10.30901/2658-6266-2025-2-01

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.

© Андреева А.С., Ляпунова О.А., Матвиенко И.И., Анисимова И.Н., 2025

---

Original article

DOI: 10.30901/2658-6266-2025-2-01

## Genotyping of *Triticum durum* Desf. wheat accessions from the VIR collection based on the loci determining the rate of development and sensitivity to photoperiod (*Vrn*, *Ppd*)

Anna S. Andreeva, Olga A. Lyapunova, Inna I. Matvienko, Irina N. Anisimova

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

**Corresponding author:** Olga A. Lyapunova, o.liapounova@vir.nw.ru

**Background.** The creation of early maturing, photoperiod-insensitive cultivars is a perspective direction of durum wheat (*Triticum durum* Desf.) breeding. The collection of wheat genetic resources at VIR can serve as a source of the genes for valuable breeding traits. The potential of durum wheat collection for important adaptation characters has been poorly studied, and the allelic diversity at the development rate gene loci is unknown. Screening of the collection with the use of the allele-specific molecular markers of the genes for vernalization response (*Vrn*) and photoperiod sensitivity (*Ppd*) is relevant. **Material and methods.** A sample set for genotyping loci of high growth rate included 48 *T. durum* accessions previously characterized for physiological characters and productivity components. Eight common allele-specific PCR markers selected from literature sources were used for the molecular screening. The photoperiod sensitivity coefficient was determined in a vegetation experiment under natural illumination and short 12-hour day conditions. **Results.** With the use of diagnostic markers, the dominant *Vrn* alleles for spring growth habit were identified in 24 accessions: 23 accessions were found to carry *Vrn-A1* allele determining the spring growth habit; the dominant *Vrn-B1* allele was detected in 24 accessions, while the *Vrn-B3a* allele was found only in the Ambo 7 accession. The dominant *Ppd-A1* and *Ppd-B1* alleles determining photoperiod insensitivity were identified in 21 accessions. A vegetation experiment has confirmed a weak response to the day length in eight Mexican lines that harbor markers of the dominant *Vrn* and *Ppd* alleles. **Conclusion.** Based on the phenotypic analysis and molecular genotyping data, 24 sources of early maturity genes were identified in durum wheat.

**Keywords:** spring growth habit, photoperiodic sensitivity, genotype, PCR markers, molecular screening

---

**Acknowledgements:** The research was carried out within the framework of the State Assignment according to the Theme Plan of VIR, Project No. 1021052806334-9-4.1.1 “Structuring and disclosing the potential of hereditary variation in the global collection of cereal and groat crops at VIR for the development of an optimized genebank and its sustainable utilization in plant breeding and crop production” (FGEM-2022-0009).

**For citation:** Andreeva A.S., Lyapunova O.A., Matvienko I.I., Anisimova I.N. Genotyping of *Triticum durum* Desf. wheat accessions from the VIR collection based on the loci determining the rate of development and sensitivity to photoperiod (*Vrn*, *Ppd*). *Plant Biotechnology and Breeding*. 2025;8(2):16-26. (In Russ.). DOI: 10.30901/2658-6266-2025-2-01

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.

---

© Andreeva A.S., Lyapunova O.A., Matvienko I.I., Anisimova I.N., 2025

## Введение

Пшеница твердая (*Triticum durum* Desf.) является естественным аллотетраплоидом ( $2n=28$ ) геномного состава ВВА<sup>U</sup>A<sup>U</sup>. Зерно твердой пшеницы используется в основном для питания человека. Она употребляется в виде изделий из цельных зерен или муки, из которой производят спагетти и макароны, плоский хлеб, крупы, кускус, булгур, квасной хлеб, лапшу и другие продукты, которые считаются диетическими продуктами благодаря биохимическому составу зерна.

Селекция твердой пшеницы на современном этапе направлена на улучшение таких признаков, как скороспелость, устойчивость к полеганию, устойчивость к болезням и вредителям, засухоустойчивость. Одной из важнейших задач селекции твердой пшеницы является качество макаронных изделий, которое сильно зависит от количества и качества клейковины (глутена) в составе белка зерна.

В последние десятилетия в селекционных центрах наряду с классическими методами селекции используются молекулярные подходы, основанные на применении методов молекулярных маркеров – маркер-ориентированная селекция (МОС). Молекулярные маркеры разделяют на три группы согласно основному методу анализа: маркеры, исследуемые с помощью блот-гибридизации, ПЦР и ДНК-чипов. Широко применяются ПЦР-маркеры, основанные на использовании доступного, надежного и недорогого метода полимеразной цепной реакции (ПЦР). С ПЦР-маркеров началось широкое внедрение ДНК-маркеров в селекционный процесс. Отбор по генотипу с помощью ПЦР-маркеров имеет ряд преимуществ по сравнению с отбором по фенотипу (Khlestkina, 2013).

В литературе описан ряд маркеров для выявления генов, определяющих ценные биологические и хозяйственные признаки у пшеницы. В частности, для идентификации генов, связанных с таким признаком как скороспелость, разработаны и используются в маркер-ориентированной селекции аллель-специфичные маркеры генов *Vrn*, определяющих тип развития – яровой-озимый (Stelmakh, 1998; Muterko et al., 2016), и *Ppd*, контролирующей реакцию на фотопериод (Beales et al., 2007).

Продолжительность вегетационного периода растений является важным биологически адаптивным и хозяйственно ценным свойством в селекции пшеницы. С ним связано большинство признаков и свойств сорта и, в итоге, его урожайность и качество зерна. Период включает несколько фаз вегетации растений, основными из которых для пшеницы принято считать всходы, цветение, колошение и созревание. Фазу колошения можно считать надежным критерием определения группы спелости, поскольку межфазный период «всходы-колошение» является менее вариабельным в сравнении с периодом «всходы-созревание».

Время начала колошения находится под контролем трех генетических систем, детерминирующих реак-

цию растений на яровизирующие температуры (гены *Vrn* – vernalization), чувствительность к фотопериоду (гены *Ppd* – photoperiod response) и гены скороспелости как таковые, контролирующие время цветения и независимые от факторов внешней среды (*Eps-earliness per se*) (Worland, 1996; Lewis et al., 2008; Ochagavía et al., 2019). Большинство исследователей считают, что главную роль играют две первые системы, а третья имеет лишь второстепенное значение. Потребность в яровизации и ее продолжительность является важной характеристикой, влияющей на адаптивность растений и определяющей деление пшеницы на яровую и озимую.

Три основных гена *Vrn1*, *Vrn2* и *Vrn3* контролируют реакцию на яровизацию пшеницы (Yan et al. 2003; Trevaskis et al., 2007; Distelfeld et al., 2009 a; b; Shimada et al. 2009; Distelfeld, Dubcovsky 2010; Diaz et al., 2012). Современное обозначение этих генов – *Vrn-A1* (*Vrn1*), *Vrn-B1* (*Vrn2*) и *Vrn-D1* (*Vrn3*). Система этих генов формирует единый механизм, который контролирует процесс яровизации и определяет сроки колошения пшеницы.

Потребность в яровизации у мягкой пшеницы контролируется аллелями трех основных гомеологичных генов *Vrn1* – *Vrn-A1*, *Vrn-B1* и *Vrn-D1*, которые локализованы на хромосомах 5A, 5B, 5D соответственно (Yan et al., 2003). Доминантный *Vrn-A1* является самым сильным ингибитором потребности растений в яровизации и обеспечивает полную нечувствительность к яровизирующим температурам, кроме того, он является эпистатичным по отношению к генам *Vrn-B1* и *Vrn-D1*. Наличие хотя бы одного доминантного аллеля гена *Vrn1* приводит к яровому типу развития. Озимый тип развития контролируется рецессивными аллелями всех трех генов *Vrn1* – *vrn-A1*, *vrn-B1* и *vrn-D1* (Pugsley, 1971; Turner et al., 2013).

У твердой пшеницы потребность в яровизации также контролируется аллелями генов *Vrn-1* (Yan et al., 2003; 2006). Гомологичные копии гена *Vrn-1* – *Vrn-A1* и *Vrn-B1* – картированы в средних районах длинного плеча хромосом 5A и 5B соответственно (Yan et al., 2003; Fu et al., 2005).

Гены *Vrn1* пшеницы кодируют транскрипционный фактор семейства MADS-box, участвующий в переходе апикальной меристемы от вегетативной стадии к репродуктивной. Они имеют не менее двух регуляторных районов, локализованных в промоторе и первом интроне соответственно (Yan et al., 2004a; Fu et al., 2005; Diaz et al., 2012).

У тетраплоидной и гексаплоидной пшеницы различия между доминантными и рецессивными аллелями *Vrn-A1* определяются мутациями в области промотора, а также наличием крупной делеции в первом интроне рецессивного аллеля *vrn-A1* (Konopatskaia et al., 2016; Muterko et al., 2015; 2016). Описано несколько аллелей генов *Vrn-A1* и *Vrn-B1*, различающихся структурой последовательностей, влиянием на потребность в яровизации и сроки цветения (Turner et al., 2013). У тетраплоидных видов пшеницы выявлено до 10 различных аллельных

вариантов в локусе *Vrn-A1*, характеризующихся различными изменениями в последовательности гена. У аллеля *Vrn-Ala* дублирована промоторная область, а аллель *Vrn-Alb* характеризуется делецией 20 пн в повторяющемся элементе 5' нетранслируемой области. Описаны различающиеся по структуре аллели *Vrn-A1c*, *Vrn-A1d* и *Vrn-A1e* (Yan et al., 2004a; Fu et al., 2005). Доминантные аллели *Vrn-B1* характеризуются наличием крупных делеций в области интрона. Так, например, доминантный аллель *Vrn-B1* изогенной линии Triple Dirk В мягкой пшеницы, характеризующейся яровым типом развития, отличается от рецессивного *vrn-B1* озимой Triple Dirk с делецией 6850 пн в первом интроне (Fu et al., 2005). Разработаны праймеры для различения аллелей *Vrn-B1a*, *Vrn-B1b* и *Vrn-B1c* (Muterko et al., 2016). Локус *Vrn-B* на хромосоме 5 содержит два тесно сцепленных гена, которые кодируют белки с доменами цинкового пальца и ССТ, *ZCCT1* и *ZCCT2*, действующие как негативные регуляторы цветения (Yan et al., 2004b; Distelfeld et al., 2009a). Ген *Vrn-B3* находится в коротком плече хромосомы 7 (Yan et al., 2006). Доминантный аллель *Vrn-B3b* отличается от рецессивного *vrn-Bb* инсерцией транспозона M882, относящегося к семейству неавтономных перемещающихся элементов hAT, в промоторную область (Muterko, Salina, 2018).

Гены *Photoperiod-1* (*Ppd1*) относятся к семейству генов Pseudo-Response Regulator (PRR) – регуляторов суточных ритмов у *Arabidopsis* (Turner et al., 2005). Основные гены реакции на фотопериод позволяют растениям пшеницы воспринимать изменения продолжительности дня, при этом ускоренное колошение происходит при выращивании на длинном дне, а короткий день вызывает его задержку, если только нет мутаций в генах *Ppd1* (Beales et al. 2007; Wilhelm et al., 2009; Diaz et al., 2012). Доминантные аллели этих генов снижают чувствительность к фотопериоду. Пшеница является растением длинного дня, но наличие доминантных аллелей генов *Ppd* обуславливает ее нечувствительность, фотонейтральность, к действию короткого дня, при которой ее вегетационный период не увеличивается.

По своей фотопериодической чувствительности (ФПЧ) культуры подразделяются на фотопериодически чувствительные, при этом растениям для перехода к цветению требуется длинный световой день – признак контролируется рецессивными аллелями *Ppd*-генов, и фотопериодически нейтральные, нечувствительные – переход к цветению происходит независимо от длины дня, для чего хотя бы один из *Ppd*-генов должен находиться в доминантном состоянии (Dragovich et al., 2021). Фотопериодическая нечувствительность считается важным свойством современных высокоадаптивных сортов со стабильно высокой продуктивностью. Чувствительность пшеницы к продолжительности светового периода суток обусловлена преимущественно аллельным составом гомеологической серии генов *Ppd1* (Shaw et al., 2012).

У мягкой пшеницы реакция на продолжительность

периода освещенности контролируется тремя гомеологичными генами: *Ppd-A1*, *Ppd-B1* и *Ppd-D1*, локализованными на хромосомах 2A, 2B, 2D, соответственно (Worland et al., 1998; Cockram et al., 2007). Эти гены также оказывают существенное влияние на сроки колошения. По силе влияния на чувствительность к фотопериоду гены *Ppd1* располагаются в следующем порядке: *Ppd-D1* > *Ppd-B1* > *Ppd-A1*, хотя в отдельных случаях эффект аллеля *Ppd-B1* сопоставим с *Ppd-D1* (Worland et al., 1998; Langer et al., 2014). J. Beales с соавторами (Beales et al., 2007) разработали диагностические маркеры для *Ppd-D1* – основного локуса реакции мягкой пшеницы на фотопериод. Доминантный аллель этого гена *Ppd-D1a* обуславливает нейтральную реакцию на длину дня, в отличие от рецессивного аллеля *ppd-D1b*.

У твердой пшеницы реакцию на фотопериод контролируют гены *Ppd-A1* и *Ppd-B1*, локализованные в коротких плечах гомеологичных хромосом 2A и 2B соответственно (Laurie, 1997). В результате изучения 23 генотипов яровой твердой пшеницы в трех географических пунктах было показано, что наибольшее влияние на формирование массы 100 зёрен оказали аллели гена *Ppd-A1*, тогда как изменчивость числа зёрен в колосе в большей степени связана с аллельным разнообразием локуса *Ppd-B1* (Arjona et al., 2018).

Скорость развития и реальная продолжительность вегетационного периода являются результатом сочетания специфических генов *Vrn* и *Ppd* и их взаимодействия с факторами окружающей среды. Информация об аллельной изменчивости этих генов и их влиянии на агрономические характеристики имеет большую ценность для селекции пшеницы (Stelmakh, 1998). В специальных экспериментах выявлено уменьшение степени аллельного разнообразия генов *Vrn* и *Ppd* современных сортов твердой пшеницы, адаптированных к условиям средиземноморского региона, по сравнению с местными испанскими сортами, и подтверждена определяющая роль мутаций в гене *Vrn-A1* на формирование признаков, контролируемых яровой типом развития (Rojo et al., 2020).

Использование молекулярных маркеров значительно повышает эффективность идентификации генетического материала и дает понимание адаптивной ценности отдельных аллелей или их комбинаций в конкретных условиях выращивания пшеницы. Отбор с помощью маркеров экономически эффективен, поддается автоматизации, что обеспечивает его высокую производительность (Mohan et al. 1997; Gupta et al. 1999; Koebner, Summers, 2002; Rana et al., 2009; Mammadov et al., 2012; Randhawa et al., 2013).

Цель настоящей работы – с использованием молекулярных маркеров выделить источники скороспелости – образцы твердой пшеницы, содержащие эффективные гены высокой скорости развития растений (*Vrn*, *Ppd*). Для этого необходимо было последовательно решить следующие задачи: подобрать по литературным источникам и протестировать праймеры, специфичные для локусов

*Vrn* и *Ppd*; провести молекулярно-генетический анализ с использованием ПЦР-маркеров генов *Vrn* и *Ppd*, локализованных в геномах А и В; провести вегетационный опыт по валидации генотипов образцов с идентифицированными генами скороспелости и фотопериодической чувствительности.

## Материалы и методы

Выборка для генотипирования по локусам высокой скорости развития растений (*Vrn*, *Ppd*) включала 48 скороспелых образцов твердой пшеницы из коллекции ВИР (вегетационный период 90-101 дней), охарактеризованных нами ранее по физиологическим свойствам и компонентам продуктивности – это 41 линия из питомника оценки твердой пшеницы “26TH IDSN; 94-95”, CIMMYT (Мексика) и семь изогенных линий, созданных в CIMMYT, поступивших из National Small Grains Collection (NSGC) США (Приложение/ Supplement<sup>1</sup>). В качестве контролей было взято пять сортов твердой пшеницы с идентифицированными ранее (Muterko et al., 2016) аллелями генов *Vrn* (*Vrn-A1*, *Vrn-B1*, *Vrn-B2*, *Vrn-B3*) и *Ppd* (*Ppd-Alb*, *Ppd-B1a*, *Ppd-B1b*): ‘Харьковская 1’ – *vrn-Alb.3* (к-45910, Украина), ‘GK Vasa’ – *Vrn-A1i* (к-58475, Венгрия), ‘Елизаветинская’ – *Vrn-B3a* (к-63772, РФ, Саратовская обл.), ‘Башкирская 27’ – *Vrn-A1a.1* (к-64486, РФ, Башкирия), ‘Донская элегия’ – *Vrn-B1c* (к-64488, РФ, Ростовская обл.) и четыре скороспелые линии мягкой пшеницы Konini (к-59948, Новая Зеландия), Рифор 11 (к-67802, РФ, Ленин-

градская обл.), Рифор 12 (к-67803, РФ, Ленинградская обл.), Рифор 13 (к-67803, РФ, Ленинградская обл.) (Rigin et al., 2022).

Выделение геномной ДНК осуществляли по методике Д.Б. Дорохова и Э. Клоке (Dorokhov, Klocke, 1997) в модификации, разработанной в отделе генетики ВИР (Anisimova et al., 2018). Для этого зерновки проращивали на влажной фильтровальной бумаге в чашках Петри при естественном освещении. Суммарную ДНК выделяли из 10 проростков 5-7-дневного возраста с использованием SDS-буфера. Качество полученных фракций ДНК проверяли методом электрофореза в 1% агарозном геле и спектрофотометрически.

Молекулярно-генетический анализ проводили методом полимеразной цепной реакции (ПЦР) с использованием восьми пар праймеров, специфичных для аллелей генов *Vrn-A1*, *Vrn-B1*, *Vrn-B3*, *Vrn-B2*, *Ppd-A1*, *Ppd-B1*. Последовательности олигонуклеотидов, амплифицируемый район гена и длина диагностического фрагмента указаны в таблице 1. Состав ПЦР-смеси и условия амплификации были идентичны рекомендованным разработчиками праймеров. ПЦР проводили на приборе MiniAmp Plus (Thermo Fisher Scientific, США). Продукты амплификации анализировали методом электрофореза в 1,5-2% агарозном геле в однократном трис-боратном буфере и визуализировали в ультрафиолетовом свете после окрашивания в растворе бромистого этидия. Использовали маркеры молекулярного веса ДНК Step 100 и Step 100 Long (Биолабмикс).

**Таблица 1. Аллель-специфичные маркеры, использованные для генотипирования линий твердой пшеницы по локусам генов скороспелости и чувствительности к фотопериоду**

**Table 1. Allele-specific markers used for genotyping of durum wheat lines for early ripening and photoperiod sensitivity gene loci**

Комбинация праймеров / Primer combination	Тестируемый аллель гена/ Tested allele of the gene	T (°C)	Размер фрагмента ПЦР, пп/ Amplicon size, bp	Источник/ Reference
VRN1AF/ VRN1-INT1R	<i>Vrn-A1a</i>	58	713	Yan et al., 2004a
Vrn-A1-intr F/ Vrn-A1-intr R1	<i>vrn-A1</i>	60	541	Muterko et al., 2016
Ex1/C/F/ Intr1/B/R3	<i>Vrn-B1a</i> <i>Vrn-B1c</i>	58	1091 705	Fu et al., 2005 Muterko et al., 2016
V2B-D4F1/ V2B-D4R1	<i>Vrn-B2</i>	60	289 286	Yan et al., 2004b
FT-B-INS-F/ VRN4-B-NOINS-R	<i>Vrn-B3a</i>	61	1765	Yan et al., 2006
Ag5del_F2/ Ag5del_R2	<i>Ppd-A1b</i>	56	452	Wilhelm et al., 2009
TaPpd-B1proF1/ TaPpd-B1intlR1	<i>Ppd-B1</i>	64	1292	Seki et al., 2011
TaPpd-B1intlR1/ 206bp_del_25_R1	<i>Ppd-B1</i>	64	874	Takenaka, Kawahara, 2012

<sup>1</sup> Приложение доступно в онлайн версии статьи/ The supplement is available in the online version of the paper: DOI: 10.30901/2658-6266-2025-2-o1

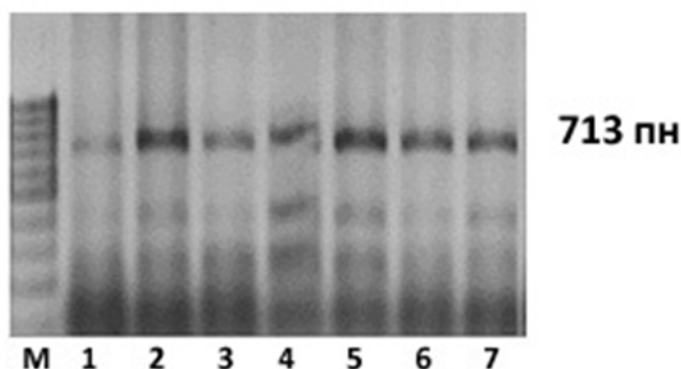
Вегетационный опыт по валидации генотипов 13 образцов с идентифицированными генами скороспелости и фотопериодической чувствительности (табл. 2) проводили в 2023-2024 годах на экспериментальной площадке отдела генетики ВИР в соответствии с разработанной в отделе методикой. Коэффициент фотопериодической чувствительности (Кфпч) определяли, как отношение продолжительности периода «всходы-колошение» у растений, выращенных соответственно в условиях длинного естественного и короткого 12-часового дня (Koshkin, 2012).

## Результаты

С использованием молекулярных маркеров, специ-

фичных для аллелей генов *Vrn* и *Ppd*, проведен молекулярный скрининг 48 образцов твердой пшеницы, отобранных по признаку скороспелости, и определены их генотипы по анализируемым локусам.

С помощью комбинации праймеров VRN1AF/ VRN1-INT1R у 23 образцов твердой пшеницы подтверждено наличие доминантного аллеля главного гена *Vrn-Ala*, контролирующего яровой тип развития (рис. 1). Исключение составил образец CIGM91.349-2, у которого не были получены продукты амплификации. При использовании комбинации праймеров VRN1AF/ VRN1-INT1R ни у одного из 23 образцов не выявлен диагностический фрагмент длиной 541 пн, характерный для рецессивного аллеля *vrn-A1*.



**Рис. 1. Идентификация доминантного аллеля *Vrn-A1* с помощью праймеров VRN1AF/ VRN1-INT1R. Маркерные фрагменты имеют длину 713 пн.**

Номера дорожек соответствуют номерам образцов в таблице 3.

**M – маркер молекулярного веса ДНК Step100**

**Fig. 1. Identification of the dominant *Vrn-A1* allele with primer combination VRN1AF/ VRN1-INT1R. Marker fragments are 713 bp long.**

Track numbers correspond to the accession numbers in Table 3.

**M – DNA molecular weight marker Step 100**

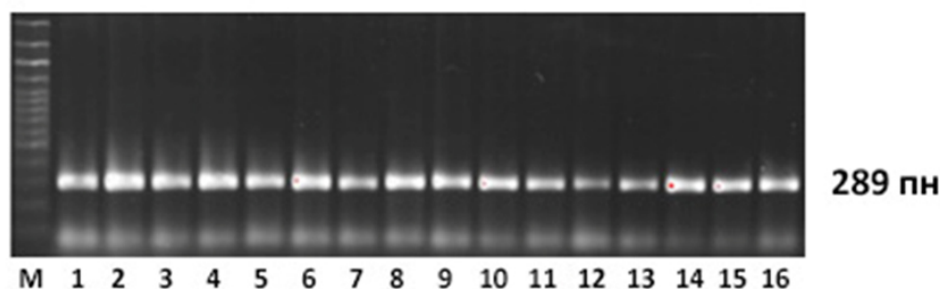
Маркер доминантного аллеля *Vrn-B1a* (размер фрагмента 1091 пн), амплифицированный с праймерами Ex1/C/F /Intr1/B/R3, обнаружен у четырёх образцов, а у трёх образцов выявлен маркер доминантного аллеля *Vrn-B1c* (размер амплифицированного фрагмента 705 пн). Вариант доминантного аллеля *Vrn-B3a* (диагностический фрагмент длиной 1765 пн, амплифицируется с парой праймеров FT-B-INS-F/ VRN4-B- NOINS-R) выявлен у единственного образца – Ambo 7 (к-68387). Маркеры доминантного аллеля *Vrn-B2* (амплифицируются с парой праймеров V2B-D4F1/ V2B-D4R1) обнаружены у всех 24 образцов.

У 21 образца выявлены варианты доминантных аллелей *Ppd-A1* и *Ppd-B1*, которые определяют нечувствительность к фотопериоду (табл. 3). Так носителями доми-

нантного аллеля *Ppd-A1* был 21 образец, а доминантного аллеля *Ppd-B1* – 24 образца (рис. 3).

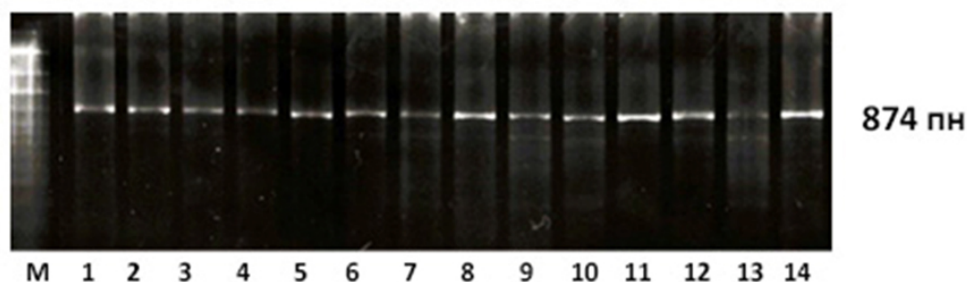
В вегетационном опыте по валидации генотипов образцов с идентифицированными генами скороспелости и фотопериодической чувствительности изучали реакцию на длину дня у 13 образцов, генотипы которых по локусам *Vrn* и *Ppd* были установлены с помощью аллель-специфичных молекулярно-генетических маркеров.

В результате было установлено, что пять образцов – Labud 15, Nyasa 2, Garcilla 2, Ting 7 и Plata 11 имеют слабую реакцию на длину дня. Задержка колошения на коротком дне по сравнению с естественным днем у них составила до 8,2 суток, Кфпч до 1,20. Самым чувствительным оказался образец Stork, задержка колошения на коротком дне по сравнению с естественным – до 43,8 сут.,



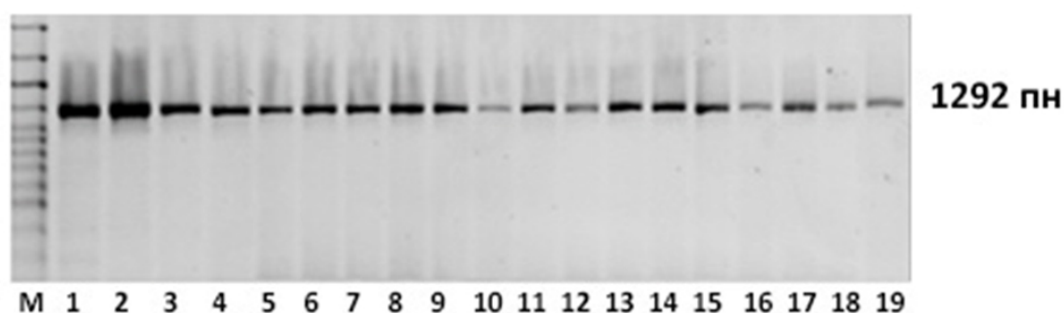
**Рис. 2.** Идентификация доминантного аллеля *Vrn-B2* с помощью праймеров V2B-D4F1+/ V2B- D4R1. Маркерный фрагмент имеет длину 289 пн. Номера дорожек соответствуют номерам образцов в таблице 3. М – маркер молекулярного веса ДНК Step 100 Long

**Fig. 2.** Identification of the dominant *VRN - B2* allele with primer combination V2B-D4F1+/ V2B- D4R1. Marker fragments are 289 bp long. Track numbers correspond to the accession numbers in Table 3. M – DNA molecular weight marker Step 100 Long



**Рис. 3.** Идентификация доминантного аллеля *Ppd-B1* с помощью праймеров TaPpd-B1proinF1/ 206bp de1 25 R1. Маркерный фрагмент имеет длину 874 пн. Номера дорожек соответствуют номерам образцов в таблице 3. М – маркер молекулярного веса ДНК Step 100 Long

**Fig. 3.** Identification of the dominant *Ppd-B1* allele with primer combination TaPpd-B1proinF1/ 206bp de1 25 R1. Marker fragments are 874 bp long. Track numbers correspond to the accession numbers in Table 3. M – DNA molecular weight marker Step 100 Long



**Рис. 4.** Идентификация доминантного аллеля *Ppd-B1* с помощью праймеров TaPpd-B1proF1/ TaPpd-B1int 1 R1. Маркерный фрагмент имеет длину 1292 пн. Номера дорожек соответствуют номерам образцов в таблице 3. М – маркер молекулярного веса ДНК Step 100 Long

**Fig. 4.** Identification of the dominant *Ppd-B1* allele with primer combination TaPpd-B1proF1/ TaPpd-B1int 1 R1. Marker fragments are 1292 bp long. Track numbers correspond to the accession numbers in Table 3. M – DNA molecular weight marker Step 100 Long



Кфпч – 1,87 (см. табл. 2). У образца Stork выявлен рецессивный аллель *ppd-A1*, тогда как у других, изученных по признаку фотопериодической чувствительности с помощью молекулярных маркеров, идентифицирован доми-

нантный аллель *Ppd-A1* (см. табл. 3).

По результатам фенотипического анализа и молекулярного генотипирования выделены 24 источника генов скороспелости твердой пшеницы (см. табл. 3).

**Таблица 2. Результаты вегетационного опыта по валидации генотипов мексиканских образцов с идентифицированными генами скороспелости и фотопериодической чувствительности**

**Table 2. Results of the vegetation experiment in validating the genotypes of Mexican accessions with identified genes for early ripening and photoperiodic sensitivity**

№ Пп/ No.	Номер по каталогу ВИР, к-/ VIR catalogue No., k-	Название/ Name	Чувствительность к длине дня/ Day length sensitivity			
			Продолжительность периода всходы-колошение, дни/ Duration of the germination-earring period, days		T2-T1	Кфпч/ Photoperiodic sensitivity coefficient
			T1	T2		
1	68360	Labud 15	40,8±0,44	45,5±0,50	4,7	1,12
2	68355	Nyasa 2	45,3±0,45	52,8±1,96	7,5	1,17
3	68350	Garcilla 2	40,9±0,64	48,1±0,46	7,2	1,18
4	68361	Ting 7	49,3±2,10	58,5±1,80	9,2	1,19
5	68347	Plata 11	43,5±0,22	52,3±0,26	8,8	1,20
6	68351	Pele 1	46,5±0,22	56,9±0,18	10,4	1,22
7	68352	Ambo 1	40,5±0,96	50,9±0,26	10,4	1,26
8	68354	Theus 3	46,3±0,83	59,0±1,62	12,7	1,27
9	68348	Hai 12	39,7±0,33	51,9±3,84	12,2	1,31
10	68349	Lotail 10	39,7±0,73	52,9±0,12	13,2	1,33
11	68346	Porron 1	35,8±0,65	48,9±0,91	13,0	1,37
12	68409	Himan 9	35,8±0,65	48,9±0,91	13,0	1,37
13	68345	Stork	50,3±3,36	94,1±0,82	43,8	1,87

**Таблица 3. Источники генов скороспелости и нечувствительности к фотопериоду, выявленные среди образцов твердой пшеницы мексиканского происхождения с помощью диагностических маркеров**

**Table 3. Sources of genes for earliness and photoperiod insensitivity identified using diagnostic markers in durum wheat accessions of Mexican origin**

№/ No.	№ по каталогу ВИР, к-/ VIR catalogue No., k-	Название/ Accession name	Диагностические маркеры / Diagnostic markers						
			VRN1A/VRN1-INTIR	Ppd-A1proF/Ag5del_R2	Ag5del_F2/Ag5del_R2	Ex1/C/F/Intr1/B/R3	Ex1/C/F/Intr1/B/R4	TaPpd-B1proF1/TaPpd-Blint1R1, 206bp del 25 R1	V2B-D4F1/V2B-D4R1
1	68345	Stork	<i>Vrn-A1</i>	-	<i>ppd-A1</i>	-	<i>vrn-B1</i>	<i>Ppd-B1</i>	<i>Vrn-B2</i>
2	68346	Porron 1	<i>Vrn-A1</i>	<i>Ppd-A1</i>	-	-	-	<i>Ppd-B1</i>	<i>Vrn-B2</i>
3	68347	Plata 11	<i>Vrn-A1</i>	<i>Ppd-A1</i>	-	-	-	<i>Ppd-B1</i>	<i>Vrn-B2</i>
4	68348	Hai 12	<i>Vrn-A1</i>	<i>Ppd-A1</i>	-	-	-	<i>Ppd-B1</i>	<i>Vrn-B2</i>
5	68349	Lotail 10	<i>Vrn-A1</i>	<i>Ppd-A1</i>	-	<i>Vrn-B1a</i>	-	<i>Ppd-B1</i>	<i>Vrn-B2</i>
6	68350	Garcilla 2	<i>Vrn-A1</i>	<i>Ppd-A1</i>	-	<i>Vrn-B1a</i>	<i>vrn-B1</i>	<i>Ppd-B1</i>	<i>Vrn-B2</i>
7	68351	Pele 1	<i>Vrn-A1</i>	<i>Ppd-A1</i>	-	<i>Vrn-B1a</i>	-	<i>Ppd-B1</i>	<i>Vrn-B2</i>
8	68352	Ambo 1	<i>Vrn-A1</i>	<i>Ppd-A1</i>	-	-	-	<i>Ppd-B1</i>	<i>Vrn-B2</i>
9	68354	Theus 3	<i>Vrn-A1</i>	<i>Ppd-A1</i>	-	<i>Vrn-B1a</i>	-	<i>Ppd-B1</i>	<i>Vrn-B2</i>

Таблица 3. (Продолжение)

№/ No.	№ по каталогу ВИР, к-/ VIR catalogue No., k-	Название/ Accession name	Диагностические маркеры / Diagnostic markers						
			VRN1A/VRN1-INTIR	Ppd-A1prof/Ag5del_R2	Ag5del_F2/Ag5del_R2	Ex1/C/F/Intr1/B/R3	Ex1/C/F/Intr1/B/R4	TaPpd-B1prof1/TaPpd-Blint1R1, 206bp del 25 R1	V2B-D4F1/V2B-D4R1
10	68365	Morito 2	<i>Vrn-A1</i>	<i>Ppd-A1</i>	-	<i>Vrn-B1c</i>	<i>vrn-B1</i>	<i>Ppd-B1</i>	<i>Vrn-B2</i>
11	68366	Podiceps 21	<i>Vrn-A1</i>	<i>Ppd-A1</i>	-	-	-	<i>Ppd-B1</i>	<i>Vrn-B2</i>
12	68370	Alcita 1	<i>Vrn-A1</i>	<i>Ppd-A1</i>	-	-	-	<i>Ppd-B1</i>	<i>Vrn-B2</i>
13	68372	Lapdy 24	<i>Vrn-A1</i>	<i>Ppd-A1</i>	-	-	-	<i>Ppd-B1</i>	<i>Vrn-B2</i>
14	68387	Ambo 7	<i>Vrn-A1</i>	<i>Ppd-A1</i>	-	-	-	<i>Ppd-B1</i>	<i>Vrn-B2</i>
15	68392	Nehama 4	<i>Vrn-A1</i>	<i>Pp -A1</i>	-	-	<i>vrn-B1</i>	<i>Ppd-B1</i>	<i>Vrn-B2</i>
16	68379	Cui-niao 1	<i>Vrn-A1</i>	<i>Ppd-A1</i>	-	-	-	<i>Ppd-B1</i>	<i>Vrn-B2</i>
17	68409	Himan 9	<i>Vrn-A1</i>	-	<i>ppd-A1</i>	-	<i>vrn-B1</i>	<i>Ppd-B1</i>	<i>Vrn-B2</i>
18	66278	CIGM91.349-1	<i>Vrn-A1</i>	-	<i>ppd-A1</i>	-	-	<i>Ppd-B1</i>	<i>Vrn-B2</i>
19	66279	CIGM91.349-2	-	<i>Ppd-A1</i>	-	-	-	<i>Ppd-B1</i>	<i>Vrn-B2</i>
20	66281	CIGM91.349-6	<i>Vrn-A1</i>	<i>Ppd-A1</i>	-	<i>Vrn-B1c</i>	<i>vrn-B1</i>	<i>Ppd-B1</i>	<i>Vrn-B2</i>
21	66282	CIGM98.775-1	<i>Vrn-A1</i>	<i>Ppd-A1</i>	-	-	<i>vrn-B1</i>	<i>Ppd-B1</i>	<i>Vrn-B2</i>
22	66283	CIGM98.777-1	<i>Vrn-A1</i>	<i>Ppd-A1</i>	-	-	-	<i>Ppd-B1</i>	<i>Vrn-B2</i>
23	66277	CIGM91.347-4	<i>Vrn-A1</i>	<i>Ppd-A1</i>	-	-	<i>vrn-B1</i>	<i>Ppd-B1</i>	<i>Vrn-B2</i>
24	66275	CIGM91.346-2	<i>Vrn-A1</i>	<i>Ppd-A1</i>	-	<i>Vrn-B1c</i>	<i>vrn-B1</i>	<i>Ppd-B1</i>	<i>Vrn-B2</i>

### Выводы

С помощью восьми аллель-специфичных маркеров определены генотипы образцов изучаемой выборки скороспелых образцов твердой пшеницы по локусам *Vrn-A1*, *Vrn-B2*, *Vrn-B3*, *Ppd-A1*, *Ppd-B1*.

В вегетационном опыте по валидации генотипов образцов с идентифицированными генами скороспелости и фотопериодической чувствительности подтверждена слабая реакция на длину дня у пяти мексиканских линий, маркированных доминантными аллелями *Vrn* и *Ppd* – Plata 11 (к-68347), Garcilla 2 (к-68350), Nyasa 2 (к-68355), Labud 15 (к-68360) и Ting 7 (к-68361).

По результатам фенотипического анализа и молекулярного генотипирования выделены 24 источника генов скороспелости твердой пшеницы.

### References/Литература

Anisimova I.N., Alpatieva N.V., Abdullaev R.A., Karabitsina Yu.I., Kuznetsova E.B. Screening of plant genetic resources with the use of DNA markers: basic principles, DNA isolation, PCR setup, agarose gel electrophoresis: (Guidelines). St. Petersburg: VIR; 2018 [in Russian] (Анисимова И.Н., Алпатьева Н.В., Абдуллаев Р.А., Карабицина Ю.И., Кузнецова Е.Б. Скрининг генетических ресурсов растений с использованием ДНК-маркеров: основные принципы, выделение ДНК, постановка ПЦР, электрофорез в агарозном геле (методические указания). Санкт-Петербург: ВИР; 2018). DOI: 10.30901/978-5-905954-81-8

Arjona J.M., Royo C., Dreisigacker S., Ammar K., Villegas D. Effect of *Ppd-A1* and *Ppd-B1* allelic variants on grain number and

thousand kernel weight of durum wheat and their impact on final grain yield. *Frontiers in Plant Science*. 2018;29:888. DOI: 10.3389/fpls.2018.00888

Beales J., Turner A., Griffiths S., Snape J.W., Laurie D.A. A *Pseudo-Response Regulator* is misexpressed in the photoperiod insensitive *Ppd-D1a* mutant of wheat *Triticum aestivum* L. *Theoretical and Applied Genetics*. 2007;115(5):721-733. DOI: 10.1007/s00122-007-0603-4

Cockram J., Jones H., Leigh F.J. O'Sullivan D, Powell W., Laurie D.A., Greenland A.J. Control of flowering time in temperate cereals: genes, domestication, and sustainable productivity. *Journal of Experimental Botany*. 2007;58:1231-1244. DOI: 10.1093/jxb/erm042

Diaz A., Zikhali M., Turner A.S. Isaac P., Laurie D.A. Copy number variation affecting the *Photoperiod-B1* and *Vernalization-A1* genes is associated with altered flowering time in wheat (*Triticum aestivum*). *PLoS One*. 2012;7:e33234. DOI: 10.1371/journal.pone.0033234

Distelfeld A., Tranquilli G., Li C., Yan L., Dubcovsky J. Genetic and molecular variation of the VRN2 loci in tetraploid wheat. *Plant Physiology*. 2009a;149:245-257. DOI: 10.1104/pp.108.129353

Distelfeld A., Li C., Dubcovsky J. Regulation of flowering in temperate cereals. *Current Opinion in Plant Biology*. 2009b;12:178-184. DOI: 10.1016/j.pbi.2008.12.010

Distelfeld A., Dubcovsky J. Characterization of the maintained vegetative phase deletions from diploid wheat and their effect on *VRN2* and *FT* transcript levels. *Molecular Genetics and Genomics*. 2010;283:223-232. DOI: 10.1007/s00438-009-0510-2

Dorokhov D.B., Klocke E. A rapid and economic technique for RAPD-analysis of plant genomes. *Genetics*. 1997;33(4):358-365. [in Russian] (Дорохов Д.Б., Клоке Э. Быстрая и экономичная технология RAPD анализа растительных геномов. *Генетика*. 1997;33(4):443-450).

Dragovich A., Fisenko A.V., Yankovskaya A.A. Vernalization (VRN) and photoperiod (PPD) genes in Spring hexaploid wheat landraces. *Russian Journal of Genetics*. 2021;57(3):329-340. DOI: 10.1134/S1022795421030066

Fu D., Szucs P., Yan L, Helguera M., Skinner J.S., von Zitzewitz J.,

- Hayes P.M., Dubcovsky J. Large deletions within the first intron in *VRN-1* are associated with spring growth habit in barley and wheat. *Molecular Genetics and Genomics*. 2005;273(1):54-65. DOI: 10.1007/s00438-004-1095-4
- Gupta P.K., Varshney R.K., Sharma P.C., Ramesh B. Molecular markers and their applications in wheat breeding. *Plant Breeding*. 1999;118(5):369-390.
- Khlestkina E.K. Molecular markers in genetic studies and breeding. *Vavilov Journal of Genetics and Breeding*. 2013;17(4/2):1044-1054. [in Russian] (Хлесткина Е.К. Молекулярные маркеры в генетических исследованиях и в селекции. *Вавиловский журнал генетики и селекции*. 2013;17(4/2):1044-1054).
- Koebner R., Summers R. The impact of molecular markers on the wheat breeding paradigm. *Cellular & Molecular Biology Letters*. 2002;7(2B):695-702.
- Konopatskaia I., Vavilova V., Kondratenko E.Y., Blinov A., Goncharov N.P. *VRN1* genes variability in tetraploid wheat species with a spring growth habit. *BMC Plant Biology*. 2016;(S3):93-106. DOI: 10.1186/s12870-016-0924-z
- Koshkin V.A. Methodical approaches of diagnostics of photoperiodical sensitivity and earliness of plants. *Proceedings on Applied Botany, Genetics and Breeding*. 2012;170:118-129 [in Russian] (Кошкин В.А. Методические подходы диагностики фотопериодической чувствительности и скороспелости растений. *Труды по прикладной ботанике, генетике и селекции*. 2012;170:118-129).
- Langer S.M., Longin C.F.H., Würschum T. Flowering time control in European winter wheat. *Frontiers in Plant Science*. 2014;5:537. DOI: 10.3389/fpls.2014.00537
- Laurie D.A. Comparative genetics of flowering time. *Plant Molecular Biology*. 1997;35:167-177. DOI: 0.1007/978-94-011-5794-0\_16
- Lewis S., Faricelli M.E., Appendino M.L., Valárik M., Dubcovsky J. The chromosome region including the earliness *per se* locus *Eps-A<sup>m1</sup>* affects the duration of early developmental phases and spikelet number in diploid wheat. *Journal of Experimental Botany*. 2008;59(13):3595-3607. DOI: 10.1093/jxb/ern209
- Mammadov J., Aggarwal R., Buyyarapu R., Kumpatla S. SNP markers and their impact on plant breeding. *International Journal of Plant Genomics*. 2012;1-11. DOI: 10.1155/2012/728398
- Mohan M., Nair S., Bhagwat A., Krishna T.G., Yano M., Bhatia C.R., Sasaki T. Genome mapping, molecular markers and marker-assisted selection in crop plants. *Molecular Breeding*. 1997;3(2):87-103. DOI: 10.1023/A:1009651919792
- Muterko A.F., Balashova I.A., Fayt V.I., Sivolap Yu.M. Molecular-genetic mechanisms of regulation of growth habit in wheat. *Cytology and Genetics*. 2015;49(1):71-86. DOI: 10.3103/S0095452715010089
- Muterko A., Kalendar R., Salina E. Allelic variation at the *VERNALIZATION-A1*, *VRN-B1*, *VRN-B3*, and *PHOTOPERIOD-A1* genes in cultivars of *Triticum durum* Desf. *Planta*. 2016;244:1253-1263. DOI: 10.1007/s00425-016-2584-5
- Muterko A., Salina E. Divergence of *VRN-B3* alleles during the evolution of domesticated wheat. *Molecular Genetics and Genomics*. 2018;294(1):263-275. DOI: 10.1007/s00438-018-1506-6
- Ochagavía H., Prieto P., Zikhali M., Griffiths S., Slafer G.A. Earliness *per se* by temperature interaction on wheat development. *Scientific Reports*. 2019;9:2584. DOI: 10.1038/s41598-019-39201-6
- Pugsley A.T. A genetic analysis of the spring-winter habit of growth in wheat. *Australian Journal of Agricultural and Resource*. 1971;22(1):21-31. DOI: 10.1071/AR9710021
- Rana B., Rana P., Manoj K.J., Kumar S. Marker assisted selection: a strategy for wheat improvement. *Wheat Information Service WIS*. 2009;11:19-30.
- Randhawa H.S., Asif M., Pozniak C., Clarke J.M., Graf R.J., Fox S.L., Humphreys D.G., Knox R.E., DePauw R.M., Singh A.K., Cuthbert R.D., Hucl P., Spaner D. Application of molecular markers to wheat breeding in Canada. *Plant Breeding*. 2013;132(5):458-471. DOI: 10.1111/pbr.12057
- Rigin B.V., Shreyder E.R., Matvienko I.I., Andreeva A.S., Zuev E.V. Donors of ultra-earliness for spring common wheat breeding. *Plant Biotechnology and Breeding*. 2022;5(3):5-14. [In Russian] (Ригин Б.В., Шрейдер Е.Р., Матвиенко И.И., Андреева А.С., Зуев Е.В. Доноры ультраскороспелости в селекции яровой мягкой пшеницы. *Биотехнология и селекция растений*. 2022;5(3):5-14). DOI: 10.30901/2658-6266-2022-3-03
- Royo C., Dreisigacker S., Soriano J.M., Lopes M.S., Ammar K., Villegas D. Allelic variation at the vernalization response (*Vrn-1*) and photoperiod sensitivity (*Ppd-1*) genes and their association with the development of durum wheat landraces and modern cultivars. *Frontiers in Plant Science*. 2020;11:838. DOI: 10.3389/fpls.2020.00838
- Seki M., Chono M., Matsunaka H., Fujita M., Oda S., Kubo K., Kiribuchi-Otobe C., Kojima H., Nishida H., Kato K. Distribution of photoperiod-insensitive alleles *Ppd-B1a* and *Ppd-D1a* and their effect on heading time in Japanese wheat cultivars. *Breeding Science*. 2011;61(4):405-412. DOI: 10.1270/jsbbs.61.405
- Shaw L.M., Turner A.S., Laurie D.A. The impact of photoperiod insensitive *Ppd-1a* mutations on the photoperiod pathway across the three genomes of hexaploid wheat (*Triticum aestivum*). *Plant Journal*. 2012;71(1):71-84. DOI: 10.1111/j.1365-313X.2012.04971.x
- Shimada S., Ogawa T., Kitagawa S., Suzuki T., Ikari C., Shitsukawa N., Abe T., Kawahigashi H., Kikuchi R., Handa H., Murai K. A genetic network of flowering-time genes in wheat leaves, in which an *APETALA1/FRUITFULL*-like gene, *VRN1*, is upstream of *FLOWERING LOCUS T*. *Plant Journal*. 2009;58(4):668-681. DOI: 10.1111/j.1365-313X.2009.03806.x
- Stelmakh A.F. Genetic systems regulating flowering response in wheat. *Euphytica*. 1998;100:359-369. DOI: 10.1023/A:1018374116006
- Takenaka S., Kawahara T. Evolution and dispersal of emmer wheat (*Triticum* sp.) from novel haplotypes of *Ppd-1* (photoperiod response) genes and their surrounding DNA sequences. *Theoretical and Applied Genetics*. 2012;125(5):999-1014. DOI: 10.1007/s00122-012-1890-y
- Trevaskis B., Hemming M.N., Dennis E.S., Peacock W.J. The molecular basis of vernalization-induced flowering in cereals. *Trends in Plant Science*. 2007;12(8):352-357. DOI: 10.1016/j.tplants.2007.06.010
- Turner A., Beales J., Faure S., Dunford R.P., Laurie D.A. The pseudo response regulator *Ppd-H1* provides adaptation to photoperiod in barley. *Science*. 2005;310:1031-1033. DOI: 10.1126/science.1117619
- Turner A.S., Faure S., Zhang Y., Laurie D.A. The effect of day neutral mutations in barley and wheat on the interaction between photoperiod and vernalization. *Theoretical and Applied Genetics*. 2013;126:2267-2277. DOI: 10.1007/s00122-013-2133-6
- Wilhelm E.P., Turner A.S., Laurie D.A. Photoperiod insensitive *Ppd-A1a* mutations in tetraploid wheat (*Triticum durum* Desf.). *Theoretical and Applied Genetics*. 2009;118(2):285-294. DOI: 10.1007/s00122-008-0898-9
- Worland A.J. The influence of flowering time genes on environmental adaptability in European wheats. *Euphytica*. 1996;89:49-57. DOI: 10.1007/BF00015718
- Worland A.J., Börner A., Korzun V., Li M.W., Petrovic S., Sayers E.J. The influence of photoperiod genes on the adaptability of European winter wheat. *Euphytica*. 1998;100:385-394. DOI: 10.1023/A:1018327700985
- Yan L., Loukoianov A., Tranquilli G., Helguera M., Fahima T., Dubcovsky J. Positional cloning of the wheat vernalization gene *VRN1*. *Proceedings of the National Academy of Sciences*. 2003;100(10):6263-6268. DOI: 10.1073/pnas.0937399100
- Yan L., Helguera M., Kato K., Fukuyama S., Sherman J., Dubcovsky J. Allelic variation at the *VRN1* promoter region in polyploid wheat. *Theoretical and Applied Genetics*. 2004a;109(8):1677-1686. DOI: 10.1007/s00122-004-1796-4
- Yan L., Loukoianov A., Blechl A., Tranquilli G., Ramakrishna W., SanMiguel P., Bennetzen J., Echenique V., Dubcovsky J. The wheat *VRN2* gene is a flowering repressor down-regulated by vernalization. *Science*. 2004b;303(5664):1640-1644. DOI: 10.1126/science.1094305
- Yan L., Fu D., Li C., Blechl A., Tranquilli G., Bonafede M., Sanchez A., Valarik M., Yasuda S., Dubcovsky J. The wheat and barley vernalization gene *VRN3* is an orthologue of *FT*. *Proceedings of the National Academy of Sciences*. 2006;103(51):19581-19586. DOI: 10.1073/pnas.0607142103

---

### ***Информация об авторах***

**Анна Сергеевна Андреева**, младший научный сотрудник, отдел генетических ресурсов пшеницы, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова, 190000 Россия, Санкт-Петербург, ул. Большая Морская, 42, 44, a.andreeva@vir.nw.ru, <https://orcid.org/0000-0002-6754-2897>

**Ольга Александровна Ляпунова**, кандидат сельскохозяйственных наук, ведущий научный сотрудник, отдел генетических ресурсов пшеницы, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова, 190000 Россия, Санкт-Петербург, ул. Большая Морская, 42, 44, o.liapounova@vir.nw.ru, <https://orcid.org/0000-0003-2164-4510>

**Инна Ивановна Матвиенко**, научный сотрудник, отдел генетики, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова, 190000 Россия, Санкт-Петербург, ул. Большая Морская, 42, 44, 181947@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0001-8233-5047>

**Ирина Николаевна Анисимова**, доктор биологических наук, ведущий научный сотрудник, отдел генетики, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова, 190000 Россия, Санкт-Петербург, ул. Большая Морская, 42, 44, irina\_anisimova@inbox.ru, <https://orcid.org/0000-0003-0474-8860>

### ***Information about the authors***

**Anna S. Andreeva**, Junior Researcher, Department of Wheat Genetic Resources, N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources, 42, 44, Bolshaya Morskaya Street, St. Petersburg, 190000 Russia, a.andreeva@vir.nw.ru, <https://orcid.org/0000-0002-6754-2897>

**Olga A. Lyapunova**, Cand. Sci. (Agriculture), Leading Researcher, Department of Wheat Genetic Resources, N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources, 42, 44, Bolshaya Morskaya Street, St. Petersburg, 190000 Russia, o.liapounova@vir.nw.ru, <https://orcid.org/0000-0003-2164-4510>

**Inna I. Matvienko**, Researcher, Department of Genetics, N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources, 42, 44, Bolshaya Morskaya Street, St. Petersburg, 190000 Russia, 181947@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0001-8233-5047>

**Irina N. Anisimova**, Dr. Sci. (Biology), Leading Researcher, Department of Genetics, N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources, 42, 44, Bolshaya Morskaya Street, St. Petersburg, 190000 Russia, irina\_anisimova@inbox.ru, <https://orcid.org/0000-0003-0474-8860>

**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 14.01.2025; одобрена после рецензирования 19.06.2025; принята к публикации 25.06.2025.

The article was submitted on 14.01.2025; approved after reviewing on 19.06.2025; accepted for publication on 25.06.2025.

Научная статья

УДК 634.13:632.4:632.938.1

DOI: 10.30901/2658-6266-2025-2-03



## Молекулярный скрининг коллекции груши, поддерживаемой на Майкопской опытной станции ВИР, на наличие маркеров генов устойчивости к парше

А. О. Гончаренко, Л. В. Багмет, М. Н. Петрова, О. Ю. Антонова

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

**Автор, ответственный за переписку:** Анастасия Олеговна Гончаренко, aogoncharenko97@gmail.com

**Актуальность.** Груша (*Pyrus* L.) является одной из экономически важных плодовых культур, выращиваемой в 50 странах мира. Однако сорта груши поражаются многими патогенами, в частности паршой, возбудителем которой является гриб-аскомицет рода *Venturia* Sacc. На груше описаны два вида этого рода: *Venturia nashicola* S. Tanaka & S. Yamam., поражающий азиатские груши (*P. pyrifolia* (Burm. fil.) Nakai, *P. bretschneideri* Rehder, *P. ussuriensis* Maxim.) и *Venturia pirina* Aderh., специфичный для европейской груши *P. communis* L. Применение молекулярных маркеров для отбора устойчивых к парше сортов повысит эффективность программ селекции. Целью нашей работы была апробация маркеров генов *Rvn2* и *Vnk* (*Rvn1*), контролирующих устойчивость к парше *Venturia nashicola*, на материале образцов коллекции Майкопской опытной станции – филиала ВИР и экспедиционных образцов. **Материалы и методы:** Изучена выборка из 255 образцов, включающая 246 сортов из коллекции Майкопской опытной станции – филиала ВИР, и девяти образцов, собранных экспедицией ВИР на Северном Кавказе в 2022 году. Основу выборки составили 152 сорта кавказской селекции, включая местные формы, вторую крупную подвыборку (61) образовали европейские сорта. Были использованы маркеры гена *Rvn2* – PSC217/XhoI и PSC234/HaeIII, и гена *Vnk* (*Rvn1*) – STS-ОРО9/SaII и STS-ОРАW13, подобранные по данным литературы. **Результаты:** Показано широкое распространение среди образцов выборки обоих маркеров гена *Rvn2* (89,4% для PSC217/XhoI и 30,9% для PSC234/HaeIII), при этом частота их встречаемости в двух основных подвыборках была примерно одинаковой. При сравнении результатов скрининга с данными по устойчивости образцов коллекции Майкопской ОС к парше груши показана низкая диагностическая ценность обоих маркеров – маркер PSC217/XhoI имел эффективность 47,2%, а маркер PSC234/HaeIII – 51,4%. Наоборот, маркеры STS-ОРАW13 и STS-ОРО9/SaII гена *Vnk* (*Rvn1*) присутствовали только у единичных сортов (семь) китайской и кавказской селекции. Последние, однако, согласно их родословным, были получены без использования местного оригинального материала. **Заключение.** В результате проведенного исследования значительной выборки образцов груши различного происхождения было показано широкое распространение в изученном материале маркеров гена *Rvn2*, которые, однако, продемонстрировали низкую эффективность и непригодны для молекулярного скрининга. Маркеры гена *Vnk* (*Rvn1*) были выявлены только у единичных образцов. Интерес для селекции представляет образец ‘Дан-Шансу-ли’, характеризующийся присутствием обоих маркеров гена *Vnk* (*Rvn1*) и, по предварительным данным, устойчивостью к парше груши.

**Ключевые слова:** *Pyrus* L. sp., *Venturia* Sacc, гены устойчивости, молекулярные маркеры, *Vnk* (*Rvn1*), *Rvn2*

**Благодарности:** Работа выполнена в рамках Государственных заданий согласно тематическому плану ВИР по темам №1021032424343-9-4.4.4 FGEM-2022-0008 и №1021032424911-4-4.1.1; 4.4.4 FGEM-2022-0006

**Для цитирования:** Гончаренко А.О., Багмет Л.В., Петрова М.Н., Антонова О.Ю. Молекулярный скрининг коллекции груши, поддерживаемой на Майкопской опытной станции ВИР, на наличие маркеров генов устойчивости к парше. *Биотехнология и селекция растений*. 2025;8(2):27-37. DOI: 10.30901/2658-6266-2025-2-03

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.

© Гончаренко А.О., Багмет Л.В., Петрова М.Н., Антонова О.Ю., 2025

Original article

DOI: 10.30901/2658-6266-2025-2-03

## Molecular screening of the pear collection maintained at the Maikop Experiment Station of VIR for scab resistance gene markers

Anastasiia O. Goncharenko, Larisa V. Bagmet, Marina N. Petrova, Olga Yu. Antonova

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

**Corresponding author:** Anastasiia O. Goncharenko, aogoncharenko97@gmail.com

**Background:** Pear (*Pyrus* sp.) is one of the economically important fruit crops grown in 50 countries worldwide. However, pear cultivars are affected by many pathogens, including scab caused by the ascomycete fungus belonging to the genus *Venturia* Sacc. The two pear-damaging species of this genus are *Venturia nashicola* S. Tanaka & S. Yamam. that affects Asian pears (*P. pyrifolia* (Burm.fil.) Nakai, *P. bretschneideri* Rehder, *P. ussuriensis* Maxim.), and *Venturia pirina* Aderh. that affects specifically the European pear *P. communis* L. The use of molecular markers for the selection of scab-resistant varieties will improve the efficiency of breeding programs. The aim of this work was to test the markers of the *Rvn2* and *Vnk (Rvn1)* genes, which control scab resistance to *Venturia nashicola*, using the material from the collection maintained at the Maikop Experiment Station, and accessions from a collecting mission. **Materials and methods:** A sample of 255 accessions was studied, including 246 cultivars from the collection of the Maikop Experiment Station, and nine accessions from the VIR collecting mission to the North Caucasus in 2022. The basis of the sample were 152 cultivars of Caucasian origin, including local forms; the second large subsample (61) was made up of European cultivars. The research used the markers of the *Rvn2* gene – PSC217/XhoI and PSC234/HaeIII, and of the *Vnk (Rvn1)* gene – STS-OPO9/SalI and STS-OPAW13, selected from the literature. **Results:** A wide distribution of both markers of the *Rvn2* gene among the accessions was shown (89.4% for PSC217/XhoI and 30.9% for PSC234/HaeIII), while the frequency of their occurrence among the two main subsamples was approximately the same. When comparing the molecular screening results with the data on the accessions resistance to pear scab, a low diagnostic value of both markers was shown – the PSC217/XhoI marker had an efficiency of 47.2%, and that of the PSC234/HaeIII marker was 51.4%. On the contrary, the STS-OPAW13 and STS-OPO9/SalI markers of the *Vnk (Rvn1)* gene were present only in single cultivars (seven) bred in China and the Caucasus. However, according to their pedigrees, the latter ones were created without the use of original local material. **Conclusion.** The study of a large sample of pear accessions has shown a wide distribution of *Rvn2* gene markers in the studied material, which, however, demonstrated low efficiency and are unsuitable for molecular screening. The *Vnk (Rvn1)* gene markers were detected only in few accessions. Of interest for breeding is the Chinese cultivar ‘Dan-Shansu-li’, which has both markers of the gene *Vnk (Rvn1)*, and exhibits resistance to pear scab.

**Keywords:** *Pyrus* L. sp., *Venturia* Sacc, resistance genes, molecular markers, *Vnk (Rvn1)*, *Rvn2***Acknowledgements:** The research was carried out according to the State Assignment to VIR, Topics No. 1021032424343-9-4.4.4 FGEM-2022-0008 and No. 1021032424911-4-4.1.1; 4.4.4 FGEM-2022-0006**For citation:** Goncharenko A.O., Bagmet L.V., Petrova M.N., Antonova O.Yu. Molecular screening of the pear collection maintained at the Maikop Experiment Station of VIR for scab resistance gene markers. *Plant Biotechnology and Breeding*. 2025;8(2):27-37. (In Russ.). DOI: 10.30901/2658-6266-2025-2-03

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.

© Goncharenko A.O., Bagmet L.V., Petrova M.N., Antonova O.Yu., 2025

## Введение

Груша является одной из важнейших плодовых культур умеренной климатической зоны, ее выращивают не менее чем в 50 странах мира (Bell, 1991). Род *Pyrus* L. насчитывает по крайней мере 22 вида. (Potter, 2007; Li et al., 2022), из них в западных странах в основном культивируется вид *Pyrus communis* L. (груша обыкновенная), тогда как в азиатских странах представлены такие виды как *P. pyrifolia* (Burm. fil.) Nakai (груша грушелистная или японская), *P. bretschneideri* Rehder (груша Бретшнейдера или китайская белая груша), *P. ussuriensis* Maxim. (груша уссурийская) и *P. × sinkiangensis* T.T. Yu (груша Синьцзяна) (Bell, 1991; Li et al., 2022). Эти виды различаются между собой по ряду морфологических признаков (форма кроны, форма плодов и листьев) и по устойчивости к различным патогенам (Verma, Sharma, 1999; Abe et al., 2008; Brewer et al., 2009; Won et al., 2014).

Парша относится к наиболее опасным заболеваниям груши в коммерческих садах по всему миру. Возбудителем является гриб-аскомицет, принадлежащий к роду *Venturia* Sacc. На груше были описаны два вида этого рода: *Venturia nashicola* S. Tanaka & S. Yamam., поражающий азиатские груши (например *P. pyrifolia*, *P. bretschneideri*, *P. ussuriensis*) и *Venturia pirina* Aderh., специфичный для европейской груши *P. communis* (Langford, Keitt, 1942; Tanaka, Yamamoto, 1964). Ранее некоторые исследователи считали *V. nashicola* синонимом *V. pirina* (Shabi, 1990), однако повторное изучение показало, что *V. nashicola* отличается от *V. pirina* по ряду морфологических и культуральных признаков и по патогенетическим свойствам (Ishii, Yanase, 2000).

Оба вида грибов-патогенов относятся к тому же роду, что и возбудитель парши яблони *Venturia inaequalis* (Cooke) G. Winter (Bouvier et al., 2012). Однако, в отличие от имеющихся знаний о парше яблони, исследования устойчивости груши к парше всё ещё находятся на ранней стадии (Sokolova, Moročko-Bičevska, 2021). У яблони было идентифицировано 20 генов устойчивости к парше – от *Rvi1* до *Rvi20* (Khajuria et al., 2018). У груши на данный момент описано только семь генов и несколько QTL устойчивости (Bus et al., 2004; Pierantoni et al., 2007; Won et al., 2014).

Выращиваемые в настоящее время сорта груши имеют различную степень восприимчивости к парше (Shabi, 1990; Postman et al., 2005; Chevalier et al., 2008; Sugar, Hilton, 2011; Sokolova et al., 2014; Sokolova, Moročko-Bičevska, 2021). Устойчивость прежде всего зависит от происхождения сортов, поскольку европейские сорта невосприимчивы к *V. nashicola*, а азиатские сорта, наоборот, к *V. pirina*.

Устойчивость европейских груш к *V. pirina* остается в значительной степени неизученной, поскольку исследования разнообразия и вирулентности штаммов этого патогена ограничены. Кроме того, восприимчивость, скорее всего, тесно связана со структурой местных попу-

ляций патогена – сорт может быть устойчивым в одной географической области, но восприимчивым в другой (Brown, 1960; Shabi et al., 1973).

Одним из немногих устойчивых европейских сортов является сорт ‘Navara’, у которого идентифицирован ген *Rvp1*. Ген локализован в группе сцепления LG2 между SSR-маркерами CH02b10 и CH05e03, ближе к CH02b10 (Bouvier et al., 2012). Эти маркеры ассоциированы также с группой сцепления LG2 генома яблони. Известно, что данная область несет кластер генов устойчивости к парше (*Rvi2*, *Rvi8*, *VT57*, *Rvii1*) (Bus et al., 2005a; b; Gyga et al., 2004; Calenge et al., 2004) и несколько QTL устойчивости (Bus et al., 2004). Ген *Rvp1* вызывает симптомы звездчатого некроза, которые похожи на те, что описаны для генов яблони *Rvi2* и *Rvi8* (Hemmat et al., 2002; Bus et al., 2005a; b).

В работе L. Pierantoni с соавторами (2007) установлено два предполагаемых QTL устойчивости к *V. pirina* в группах сцепления LG3 и LG7 на европейском сорте ‘Abbé Fetel’ (Pierantoni et al., 2007). К сожалению, насколько нам известно, молекулярные маркеры к этим QTL и к гену *Rvp1* пока не разработаны.

Генов устойчивости к *V. nashicola* у груши известно больше, что в первую очередь связано с активной работой в этой области корейских и японских исследователей. Основные коммерческие сорта японской груши *P. pyrifolia* обычно поражаются *V. nashicola* (Ishii et al., 1992), однако существуют и устойчивые формы – никаких симптомов парши не наблюдали на местном сорте ‘Kinchaku’ японской груши и на сортах ‘Hong Li’ и ‘Mili’ *P. bretschneideri* (Ishii et al., 1992).

Первым геном, описанным как обеспечивающим высокую устойчивость к *V. nashicola* у межвидовых гибридов с участием европейской груши, был ген *Vn* (Abe et al., 2000). Позднее К.Н. Cho с соавторами выявили еще один ген – *Rvn2*, унаследованный от европейского сорта ‘Bartlett’, и картировали его в группе сцепления LG2 дистальнее от SSR-маркера CH05e03, то есть рядом с описанным выше геном *Rvp1* (Cho et al., 2009). Для идентификации функциональных аллелей гена *Rvn2* были разработаны CAPS (Cleaved Amplified Polymorphic Sequences) маркеры PSC217/XhoI и PSC234/HaeIII (Cho et al., 2009). При этом было показано, что маркер PSC217/XhoI расположен рядом с геном *Vn*, на основании чего был сделан вывод об идентичности обоих генов (Bouvier et al., 2012).

Позднее группой ученых (Terakami et al., 2006) у сорта японской груши ‘Kinchaku’ был идентифицирован ген *Vnk* (*Rvn1*), расположенный в группе сцепления LG1 рядом с SSR-маркерами PS12A02, NH013a, CH-Vf2, AG04, Hi02c07. Сопоставление результатов картирования этих маркеров в геномах яблони и груши показало, что ген *Vnk* (*Rvn1*) расположен проксимальнее геномной области, несущей ген устойчивости к парше яблони *Rvi6* (Bouvier et al., 2012). Для выявления гена *Vnk* (*Rvn1*) были разработаны маркеры STS-OP09/SaII и STS-OPAW13

(Terakami et al., 2006).

В работе S. Oh с соавторами (Oh et al., 2021) по изучению межвидового гибрида ‘Greensis’, полученного от скрещивания ‘Whangkeumbae’ (*P. pyrifolia*) и ‘Bartlett’ (*P. communis*), был идентифицирован новый ген устойчивости к *V. nashicola* – *Rvn3*. В отличие от генов *Vnk* (группа сцепления LG1) и *Rvn2* (LG2), ген *Rvn3* локализован на хромосоме LG6. Рядом с ним на расстоянии 2,5 сМ идентифицирован SSR-маркер HB09 (Oh et al., 2021), с которым также тесно сцеплен ген устойчивости к парше яблони *Rvi14* (Soufflet-Freslon et al., 2008). Таким образом, *Rvn3* может быть ортологом гена *Rvi14* (Oh et al., 2021). SSR-маркер HB09 позиционируется как маркер гена *Rvn3*, однако данных о размерах ассоциированных с доминантным аллелем гена фрагментов в своих публикациях авторы не приводят, поэтому маркер не пригоден для практического проведения маркер-вспомогательного отбора (MAS, англ. marker-assisted selection).

У китайской груши ‘Hong Li’ устойчивость к парше (*V. nashicola*), определяется ещё одним доминантным геном *Rvn4*, картированным в дистальном районе группы сцепления LG7. Авторами был разработан SSR-маркер Pbr.chr07.20, тесно сцепленный (1,3 сМ) с *Rvn4* (Terakami et al., 2023).

Недавно корейскими учеными (Won et al., 2024) у межвидового гибрида P019R045T042 (PEAR1) методами ДНК-микрочипирования и GBS (genotyping-by-sequencing) идентифицированы и картированы еще два гена устойчивости к *V. nashicola* – *Rvn5* (группа сцепления LG7) и *Rvn6* (LG10). Интересно, что ранее (Won et al., 2014) у этого же гибрида были идентифицированы несколько QTL устойчивости к другому виду патогена – *V. pirina* (группы сцепления LG7, LG10 и LG17), то есть PEAR1 обладает комплексной устойчивостью. QTL в группе сцепления LG7 обеспечил устойчивость одновременно к трем изолятам *V. pirina*, и авторы считают его наиболее перспективным для вовлечения в селекцию. Интересен также QTL в группе сцепления LG7, поскольку он расположен в ортологичной геномной области этой хромосомы, где ранее был картирован QTL широкого спектра действия, придающий устойчивость к *V. pirina* у европейской груши ‘Abbé Fétel’ (Pierantoni et al., 2007).

Еще несколько QTL устойчивости к *V. pirina* были выявлены у другого межвидового гибрида PEAR2. При этом QTL PEAR2 в группе сцепления LG2 расположен в области, в которой картированы другие гены устойчивости к парше – *Rvp1*, выявленный у сорта ‘Navara’, *Rvn2* – у сорта ‘Bartlett’, а также многие гены устойчивости к *V. inaequalis* у яблони (Bus et al., 2004; 2011; Cho et al., 2009; Bouvier et al., 2012).

Коллекция груши, поддерживаемая на Майкопской опытной станции – филиале ВИР, в настоящее время насчитывает более 1000 образцов, в ней представле-

но 30 видов рода *Pyrus* из основных центров произрастания, в том числе 27 образцов азиатских груш *P. pyrifolia* (груша японская), *P. bretschneideri* (груша Бретшнейдера или китайская белая груша) и *P. ussuriensis* (груша уссурийская). Особый интерес представляют собой местные сорта Кавказа и Крыма, в том числе так называемые черкесские груши.

Феномен черкесских садов состоит в том, что адыги не разводили их на открытых пространствах, а превращали в сады близлежащие горные леса, прививая культурные формы на дикорастущие деревья. Черкесские лесосады до сих пор сохранились в районах Черноморского побережья Кавказа, также их можно встретить на северных склонах Кавказского хребта. Черкесские груши отличаются долговечностью (встречаются отдельные экземпляры возрастом 100-150 лет), высоким ростом, высокой урожайностью и вкусовыми качествами, а также устойчивостью к болезням и вредителям сельскохозяйственных растений. Н.А. Тхагушев (2008) отмечает, что сеянцы адыгских сортов груши по степени приспособленности не уступают диким формам и для селекционеров являются ценным исходным материалом (Thagushev, 2008).

Целью нашей работы было апробировать известные маркеры генов устойчивости к парше на материале коллекции груши, поддерживаемой на Майкопской опытной станции, и, по возможности, оценить своеобразие местных кавказских сортов по признаку распространения этих маркерных локусов.

## Материалы и методы

**Материалом для скрининга послужили 246 образцов груши** из коллекции Майкопской ОС – филиала ВИР, в том числе 236 сортов и 10 образцов гибридных и мутантных форм. Образцы выборки принадлежали к шести различным видам: *Pyrus bretschneideri*, *P. caucasica* Fed., *P. communis*, *P. elaeagrifolia* Pall., *P. pyrifolia*, *P. ussuriensis*. Дополнительно были изучены девять образцов груши *P. caucasica*, *P. communis*, собранных в рамках экспедиции ВИР по Северному Кавказу.

Основу выборки составили 64 местных кавказских сорта народной селекции и 79 сортов, созданных в различных селекционных учреждениях Кавказского региона. Вместе с экспедиционными образцами подвыборка кавказских сортов насчитывала 152 образца. Другая крупная подвыборка была сформирована 61 сортом европейской селекции. Кроме того, было изучено 42 сорта иного происхождения, в том числе 17 крымских сортов и 6 сортов селекции Китая. Полный состав выборки (суммарно 255 образцов) приведен в Приложении/Supplement<sup>1</sup>.

Для получения препаратов ДНК использовали листья или почки побегов. Применяли модифицированный метод СТАВ-экстракции (Antonova et al., 2020), при

<sup>1</sup> Приложение доступно в онлайн версии статьи/ The supplement is available in the online version of the paper: DOI: 10.30901/2658-6266-2025-2-03



наличии полифенольных загрязнений растительные ткани предварительно обрабатывали буфером на основе сорбитола [100 мМ трис-НСl, рН=8,0; 0,35 М сорбитол; 5 мМ ЭДТА, рН=8,0; 1% PVP (поливинилпирролидон); 1% β-меркаптоэтанол] (Inglis et al., 2018).

**Молекулярный скрининг.** Праймеры для работы (табл. 1) были подобраны на основании анализа литературы. Полимеразную цепную реакцию (ПЦР) осуществляли в 20 мкл реакционной смеси состава: 40 нг геномной ДНК, 1х реакционный буфер (Синтол, Кат. №В-009), 2,0 мМ MgCl<sub>2</sub>, 0,4 мМ каждого из dNTP's, по 0,1 мкМ прямого и обратного праймеров, 1 е.а. (=ед. активности) Taq-полимеразы (Синтол, Россия). Программы ПЦР соответствовали указанным в публикациях (Terakami et al., 2006; Cho et al., 2009).

Рестрикцию ПЦР-продуктов проводили в течение ночи по протоколу фирмы-изготовителя ферментов (СибЭнзим, Россия). Вместо эндонуклеазы рестрикции Xho I был использован её изоизомер Sfr274 I.

После рестрикции полученные фрагменты разделяли путем электрофореза в 2% агарозном геле, окрашенном бромистым этидием, в буфере 1 × TBE при напряжении в камере 5 В/см. Были использованы маркеры молекулярного веса ДНК GeneRuler Low Range DNA Ladder (Thermo Fisher Scientific, США) и ДНК Step 100 Long (Biolabmix, Россия). Для визуализации использовали систему Gel-Doc XR (Bio-Rad, США).

**Статистические методы.** Для сопоставления частоты встречаемости маркеров использовали точный тест Фишера (Fisher, 1922).

Анализ диагностической эффективности маркеров определяли как отношение сортов с правильно прогнозируемым результатом: устойчивые генотипы с маркером и поражаемые без маркера – к общему числу сортов.

## Результаты

В нашем исследовании был проведен молекулярный скрининг на наличие маркеров генов устойчивости к парше обширной выборки: 255 образцов груши. Мы изучили полиморфизм четырех маркерных локусов двух генов устойчивости – *Vnk (Rvn1)* и *Rvn2* (см. табл. 1). Значительную часть выборки, 152 образца или 59,6%, составляли сорта кавказского происхождения, в том числе восемь образцов *Pyrus caucasica* и один образец *P. communis*, которые были собраны в ходе экспедиции по Северному Кавказу в 2022 году. Результаты анализа для каждого образца представлены в Приложении/ Supplement.

**Маркеры гена *Rvn2*.** Для гена *Rvn2* мы изучили два тесно сцепленных с ним CAPS-маркера: PSC217/XhoI и PSC234/HaeIII. Праймеры PSC217 и PSC234 у устойчивых генотипов генерируют ПЦР-продукты, расщепляющиеся соответственно рестриктазами XhoI и HaeIII (Cho et al., 2009).

Присутствие маркера PSC217/XhoI (рис. 1а) было выявлено у подавляющего числа образцов выборки –

89,4 % (табл. 2). Две основные подвыборки, сорта кавказской и европейской селекции, по частоте распространения маркера, 90,1% и 93,4%, соответственно, статистически не различались – при сравнении по критерию Фишера  $P=0,171$ . Наиболее редко маркер встречался у китайских сортов (50,0%).

Другой маркер этого гена (рис. 1б, см. табл. 2) – PSC234/HaeIII – присутствовал в выборке значительно реже (30,9%). Интересно, что за исключением трех образцов: ‘Кушки Джахар’, ‘Русалка’ и ‘Сокровище’ – он всегда встречался вместе с маркером PSC217/XhoI. Наоборот, маркер PSC217/XhoI часто выявлялся отдельно (152 образца), в том числе, только этот маркер был обнаружен у семи (77,8%) образцов из заброшенных черкесских садов.

Присутствие обоих маркеров одновременно было выявлено всего у 76 образцов, большинство из которых – 52 образца, то есть 68,4% от числа образцов с двумя маркерами – имели кавказское происхождение. При сравнении двух основных подвыборок статистически значимых различий в частоте встречаемости обоих маркеров также выявлено не было ( $P=0,027$ ).

**Маркеры гена *Vnk (Rvn1)*.** В процессе анализа экспериментальной выборки мы обнаружили не менее шести вариантов ПЦР-продуктов амплификации с использованием праймеров STS-ОРАW13 различной длины (рис. 2а), причем часть из них по размерам (~600-650 пн) была близка к диагностическому фрагменту 714 пн. Для точного определения длин маркерных фрагментов потребовалось проводить длительный электрофорез в течение 4-5 часов. Следует отметить, что авторы праймеров (Terakami et al., 2006) при анализе расщепляющейся популяции выявляли только два варианта ПЦР-продуктов – диагностический фрагмент 714 пн и ассоциированный с поражаемостью фрагмент ~500 пн. Очевидно, что большое число ПЦР-продуктов в случае нашего исследования было связано с разнообразием изучаемой выборки.

Маркер STS-ОРАW13<sub>714</sub> присутствовал только у пяти сортов, что составляет 2% от привлеченных в анализ образцов. Из них два образца (‘Восточная Золотистая’ и ‘Октава’) относились к сортам кавказской селекции, и еще три происходили из Китая (50% изученных китайских сортов). Однако сорта кавказской селекции, имеющие маркерные фрагменты, не относились к местным черкесским и Северо-Кавказским формам – оба они были получены на Майкопской ОС с участием европейских сортов. Сорт ‘Октава’ (‘Marguerite Marilla’ × ‘Реале Туринская’) имеет в родословной старый сорт ‘Реале Туринская’ с неустановленным происхождением. Сорт ‘Восточная золотистая’ (*P. pyrifolia* × ‘Gnocco’) является межвидовым гибридом с участием возделываемого в Азии вида *P. pyrifolia*; не исключено, что маркерные фрагменты STS-ОРАW13 получены именно от него.

Другой маркер этого же гена – STS-ОРО9/SaII – встречался у трех образцов выборки (1,2%), два из которых, ‘Дан-шансу-ли’ и ‘Су-ли’, относились к китай-

ским сортам, а образец ‘Душистая’ являлся межвидовым гибридом *P. ussuriensis* var. *aromatic* (= *P. ussuriensis*) × ‘Триумф Пакгама’ (‘Packham’s Triumph’). Поскольку

сам сорт ‘Триумф Пакгама’ поражается паршой груши (Villalta et al., 2005), можно предположить, что маркер также получен от дальневосточного вида.

**Таблица 1. Используемые в работе маркеры генов устойчивости к парше груши**

**Table 1. Markers of pear scab resistance genes used in the work**

Ген/ Gene	Маркер/ Marker	Последовательность праймеров (5' → 3')/ Primer sequence (5' → 3')	Эндонуклеаза рестрикции/ Restriction endonuclease	T°m, (°C)	Размер диагностических фрагментов (пн)/ Diagnostic fragment size (bp)	Авторы/ Authors
<i>Vnk</i> ( <i>Rvn1</i> )	STS-OPO9	F: AAGCACCAAGACAGCACAAAC	<i>SalI</i>	57	267+523	Terakami et al., 2006
		R: CATGTATCAGGCACACGAAC				
<i>Vnk</i> ( <i>Rvn1</i> )	STS-OPAW13	F: TCTCACCACCTGTCATTCGT	–	57	714	Terakami et al., 2006
		R: GACGGGCCCAACTTATTAGC				
<i>Rvn2</i>	PSC217	F: GAATTCGGTTATACTGTGATTTGG	<i>Xho I</i> *	60	136	Cho et al., 2009
		R: CTAGTGTAAGTTGCCTTCA				
	PSC234	F: CAGTATTACTGCCTATTCTG	<i>Hae III</i>	52	146	Cho et al., 2009
		R: CCACAGAACGAATCCAGAAA				

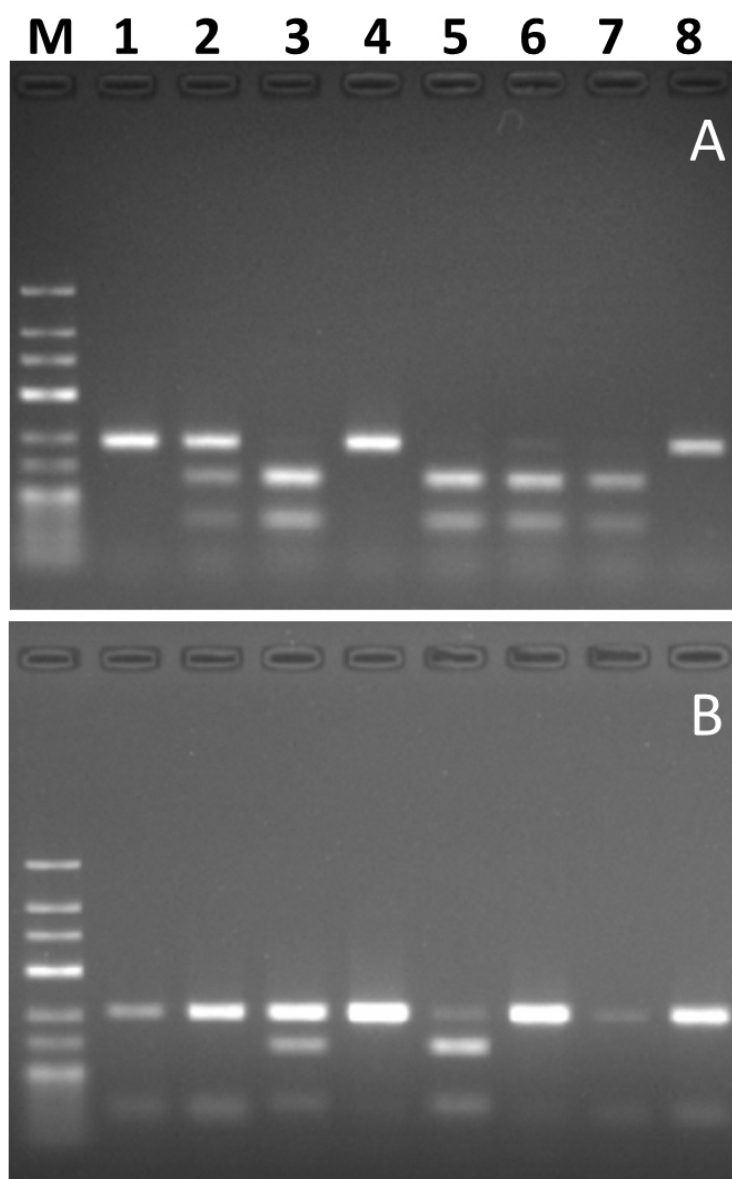
Одновременно маркеры STS-OPO9/*SalI* и STS-OPAW13 встречались лишь у одного китайского сорта ‘Дан-шансу-ли’. К сожалению, данные по оценке устойчивости для этого сорта в литературе отсутствуют, однако он проявляет устойчивость по данным наших предварительных наблюдений.

Для 88 сортов выборки (см. Приложение/ see the Supplement) мы смогли найти в литературе данные по их устойчивости к парше листьев и плодов груши (Catalogue VIR, i. 123, 1974, см. Приложение/ see the Supplement). Из них мы выделили две контрастные группы: 34 устойчивых образца (балльная оценка 0 и 1) и 38 поражаемых образцов (оценка 3 и 4), всего 72. Для этих двух групп был проведен анализ диагностической эффективности маркеров гена *Rvn2*, которую определяли как отношение сортов с правильно прогнозируемым результатом: устойчивые генотипы с маркером и поражаемые без маркера – к общему числу сортов. Диагностическая ценность маркеров PSC217/*Xho I* и PSC234/*HaeIII* оказалась достаточно низкой – 47,2% и 51,4%, соответственно. В случае присутствия обоих маркеров одновременно эффективность составила 51,4%. Диагностическая ценность маркеров гена *Vnk* (*Rvn1*) не оценивалась, поскольку они были выявлены у единичных образцов.

## Обсуждение

Низкая эффективность маркеров гена *Rvn2* прежде всего была связана с очень большим количеством поражаемых образцов, несущих маркерные компоненты (см. Приложение/ see the Supplement). Это вполне объяснимо, так как данные маркеры разработаны для генов устойчивости к одному виду патогена – *Venturia nashicola*, а оценку полевой устойчивости проводили для другого вида – *V. pirina*, распространенного на территории Европейской части России. Нельзя однако исключить, что невосприимчивость европейских сортов к *V. nashicola* связана именно с широким распространением у них гена *Rvn2*: 93,4% европейских и 90,1% кавказских сортов имеют маркер PSC217/*Xho I*.

Наоборот, маркеры гена *Vnk* (*Rvn1*) были выявлены у единичных форм, большинство из которых имели китайское происхождение. Поскольку данные маркеры были разработаны на материале именно азиатских сортов, невосприимчивых к *V. nashicola*, можно предполагать, что их наличие у отдельных генотипов действительно свидетельствует об устойчивости. В практическом плане интерес представляет потенциально устойчивый сорт ‘Дан-шансу-ли’, который имеет диагностические фрагменты обоих маркеров, и, таким образом, является перспективным кандидатом для использования в селекции.



**Рис. 1. Молекулярный скрининг образцов экспериментальной выборки груши с маркерами гена *Rvn2***

**A – маркер PSC217/Xho I; B – маркер PSC234/HaeIII**

- 1) ‘Дыдвана’ (к-9539); 2) ‘Trompetenbirne’ (к-3181); 3) ‘Землячка’ (к-31322);  
 4) ‘Земфира’ (к-31323); 5) ‘Зефир’ (к-28521); 6) ‘Золотистая (Крымская)’ (к-12373);  
 7) ‘Лятанзи’ (к-2909); 8) ‘Карпис Армуд’ (к-19775). М – маркер молекулярного веса ДНК

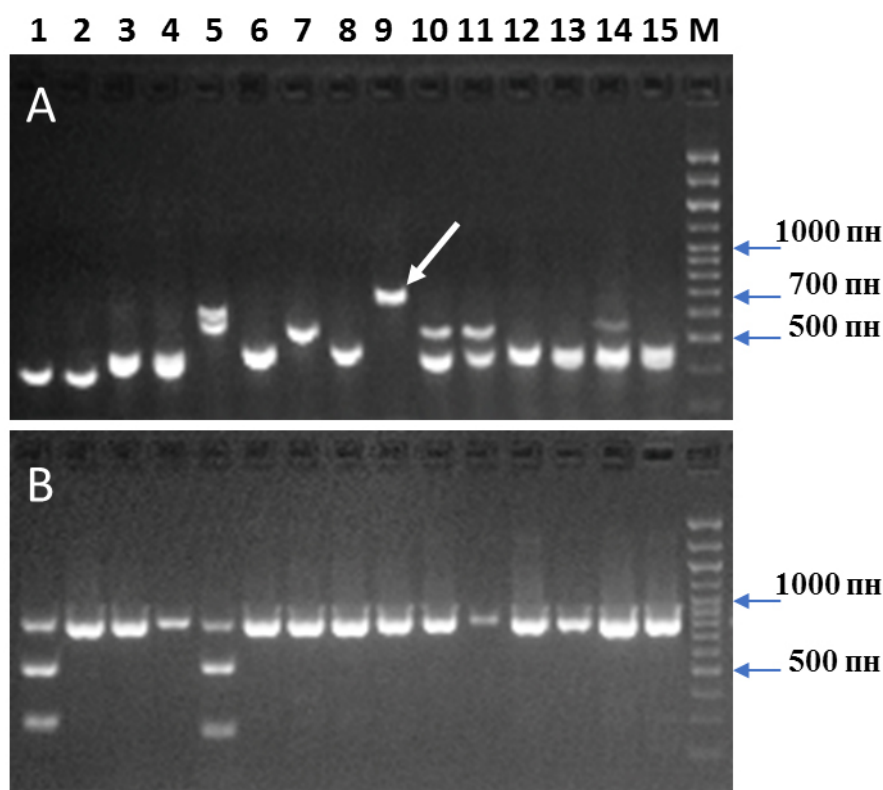
**Fig. 1. Molecular screening of experimental sample of pear accessions with markers of the *Rvn2* gene**

**A –PSC217/Xho I marker; B –PSC234/HaeIII marker**

- 1) ‘Dydvana’ (k-9539); 2) ‘Trompetenbirne’ (k-3181); 3) ‘Zemlyachka’ (k-31322);  
 4) ‘Zemfira’ (k-31323); 5) ‘Zefir’ (k-28521); 6) ‘Zolotistaya (Krymskaya)’ (k-12373);  
 7) ‘Lyatanzi’ (k-2909); 8) ‘Karpis Armud (k-19775); M – molecular weight DNA marker

**Таблица 2. Частота встречаемости маркеров гена *Rvn2* у образцов изученной выборки**  
**Table 2. Frequency of *Rvn2* gene markers occurrence in accessions from the studied sample**

Выборка/Подвыборки/ Sample/Subsamples	Число изученных образцов (n)/ The number of accessions studied (n)	Распространение маркеров гена <i>Rvn2</i> у образцов изученной выборки/ Distribution of <i>Rvn2</i> gene markers in the studied accession sample					
		PSC217/XhoI		PSC234/HaeIII		Оба маркера гена <i>Rvn2</i> / Both gene markers of <i>Rvn2</i>	
		n	(%)	n	(%)	n	(%)
Образцы кавказского происхождения, всего/ Accessions of Caucasian origin, total	152	137	90,1	54	35,5	52	34,2
из них: Северный Кавказ / of them, North Caucasian	109	96	88,1	41	37,6	39	35,8
из них: Закавказье / of them, Transcaucasian	43	41	95,3	13	30,2	13	30,2
Европейские сорта / European cultivars	61	57	93,4	13	21,3	13	21,3
Сорта селекции Китая / Chinese cultivars	6	3	50,0	1	16,6	1	16,6
Селекционные и местные крымские сорта / Released and local Crimean cultivars	17	13	76,4	2	11,8	2	11,8
Прочие образцы / Other accessions	19	18	94,7	9	47,3	8	42,1
Вся выборка / Total sample	255	228	89,4	79	30,9	76	29,8



**Рис. 2. Молекулярный скрининг образцов экспериментальной выборки груши с маркерами гена *Vnk (Rvn1)***

**А – Маркер STS-OPAW13<sub>714</sub>; В – Маркер STS-OPO9/SalI**

- 1) ‘Душистая’ (к-29186); 2) ‘Scab Prince’ (к-31345); 3) ‘Лятифа’ (к-31332);  
 4) ‘Мазурка’ (к-35493); 5) ‘Su-li’ (к-14426); 6) ‘Ак Сулу’ (к-2510);  
 7) ‘Краснодарская Зимняя’ (к-17257); 8) ‘Stark Grand Champion’ (к-24562); 9) ‘Октава’ (к-31776);  
 10) ‘Лира’ (к-31773); 11) ‘Карминовая’ (к-35487); 12) ‘Изумруд’ (к-31325); 13) ‘Буйнакская’ (к-20470);  
 14) ‘Махмуд Кар’ (к-24902); 15) ‘Вак Чухвер’ (к-24894); М – маркер молекулярного веса ДНК Step100 Long. Диагностический фрагмент маркера STS-OPAW13 размером 714 пн обозначен стрелкой

**Fig. 2. Molecular screening of experimental sample of pear accessions with *Vnk (Rvn1)* gene markers**

**A – STS-OPAW13<sub>714</sub> marker; B – STS-OPO9/SalI marker**

- 1) ‘Dushistaya’ (k-29186); 2) ‘Scab Prince’ (k-31345); 3) ‘Lyatifa’ (k-31332);  
 4) ‘Mazurka’ (k-35493); 5) ‘Su-li’ (k-14426); 6) ‘Ak Sulu’ (k-2510);  
 7) ‘Krasnodarskaya Zimnyaya’ (k-17257); 8) ‘Stark Grand Champion’ (k-24562); 9) ‘Oktava’ (k-31776);  
 10) ‘Lira’ (k-31773); 11) ‘Karminovaya’ (k-35487); 12) ‘Izumrud’ (k-31325);  
 13) ‘Bujnaskaya’ (k-20470); 14) ‘Makhmud Kar’ (k-24902);  
 15) ‘Vak Chukhver’ (k-24894); M – DNA Molecular Weight Marker Step100 Long. The diagnostic fragment 714 bp of the STS-OPAW13 marker is indicated by the arrow.

### Заключение

В результате проведённого исследования значительной выборки образцов груши различного происхождения была показана низкая эффективность маркеров гена *Rvn2* – PSC217/XhoI и PSC234/HaeIII, которые оказались очень широко распространены в изученном материале. Напротив, маркеры STS-OPAW13 и STS-OPO9/SalI гена *Vnk (Rvn1)* были выявлены у единичных образцов, кото-

рые имели или азиатское, или кавказское происхождение. Образец ‘Дан-Шансу-ли’, у которого отмечено присутствие обоих маркеров гена *Vnk (Rvn1)*, и который, по предварительным данным, проявляет устойчивость к парше груши, может представлять определенный интерес для селекции.

## References/Литература

- Abe K., Kotobuki K., Sato T., Terai O. Inheritance of resistance to pear scab from European pears to Asian pears. *Journal of the Japanese Society for Horticultural Science*. 2000;1:1-8. [in Japanese]. DOI: 10.2503/jjshs.69.1
- Abe K., Saito T., Terai O., Sato Y., Kotobuki K. Genotypic difference for the susceptibility of Japanese, Chinese and European pears to *Venturia nashicola*, the cause of scab on Asian pears. *Plant Breeding*. 2008;127(4):407-412. DOI: 10.1111/j.1439-0523.2007.01482.x
- Antonova O.Yu., Klimenko N.S., Rybakov D.A., Fomina N.A., Zheltova V.V., Novikova L.Yu., Gavrilenko T.A. SSR analysis of modern Russian potato varieties using DNA samples of nomenclatural standards. *Plant Biotechnology and Breeding*. 2020;3(4):77-96. [in Russian] (Антонова О.Ю., Клименко Н.С., Рыбаков Д.А., Фомина Н.А., Желтова В.В., Новикова Л.Ю., Гавриленко Т.А. SSR-анализ современных российских сортов картофеля с использованием ДНК номенклатурных стандартов. *Биотехнология и селекция растений*. 2020;3(4):77-96). DOI: 10.30901/2658-6266-2020-4-o2
- Bell R.L. Pears (*Pyrus*). *Acta Horticulturae*. 1991;290:657-697. DOI: 10.17660/ActaHortic.1991.290.15
- Bouvier L., Bourcy M., Boulay M., Tellier M., Guérif P., Denancé C., Durel C.E., Lespinasse Y. A new pear scab resistance gene *Rvp1* from the European pear cultivar 'Navara' maps in a genomic region syntenic to an apple scab resistance gene cluster on linkage group 2. *Tree Genetics & Genomes*. 2012;8(1):53-60. DOI: 10.1007/s11295-011-0419-x
- Brewer L.R., Alspach P.A., Morgan C., Bus V.G.M. Resistance to scab caused by *Venturia pirina* in interspecific pear (*Pyrus* spp.) hybrids. *New Zealand Journal of Crop and Horticultural Science*. 2009;37(3):211-218. DOI: 10.1080/01140670909510266
- Brown A.G. Scab resistance in progenies of varieties of the cultivated pear. *Euphytica*. 1960;9:247-253. DOI: 10.1007/BF00022230
- Bus V.G.M., van de Weg W.E., Durel C.E., Gessler C., Calenge F., Parisi L., Rikkerink E., Gardiner S., Patocchi A., Meulenbroek E., Schouten H., Laurens F. Delineation of a scab resistance gene cluster on linkage group 2 of apple. *Acta Horticulturae*. 2004;663:57-62. DOI: 10.17660/ActaHortic.2004.663.3
- Bus V.G.M., Laurens F.N.D., van de Weg W.E., Rusholme R.L., Rikkerink E.H.A., Gardiner S.E., Bassett H.C.M., Kodde L.P., Plummer K.M. The *Vh8* locus of a new gene-for-gene interaction between *Venturia inaequalis* and the wild apple *Malus sieversii* is closely linked to the *Vh2* locus in *Malus pumila* R12740-7A. *New Phytologist*. 2005a;166:1035-1049. DOI: 10.1111/j.1469-8137.2005.01395.x
- Bus V.G.M., Rikkerink E.H.A., van de Weg W.E., Rusholme R.L., Gardiner S.E., Bassett H.C.M., Kodde L.P., Parisi L., Laurens F.N.D., Meulenbroek E.J., Plummer K.M. The *Vh2* and *Vh4* scab resistance genes in two differential hosts derived from Russian apple R12740-7A map to the same linkage group of apple. *Molecular Breeding*. 2005b;15:103-116. DOI: 10.1007/s11032-004-3609-5
- Bus V.G.M., Rikkerink E.H.A., Caffier V., Durel C.-E., Plummer K.M. Revision of the nomenclature of the differential host-pathogen interactions of *Venturia inaequalis* and *Malus*. *Annual Review of Phytopathology*. 2011;49(1):391-413. DOI: 10.1146/annurev-phyto-072910-095339
- Calenge F., Faure A., Goerre M., Gebhardt C., van de Weg W.E., Parisi L., Durel C.E. Quantitative trait loci (QTL) analysis reveals both broad-spectrum and isolate-specific QTL for scab resistance in an apple progeny challenged with eight isolates of *Venturia inaequalis*. *Phytopathology*. 2004;94:370-379. DOI: 10.1094/PHYTO.2004.94.4.370
- Chevalier M., Tellier M., Lespinasse Y., Bruyninckx M. Behaviour studies of new strains of *Venturia pirina* isolated from 'Conférence' cultivar on a range of pear cultivars. *Acta Horticulturae*. 2008;800:817-823. DOI: 10.17660/ActaHortic.2008.800.111
- Cho K.H., Shin I.S., Kim K.T., Suh E.J., Hong S.S., Lee H.J. Development of AFLP and CAPS markers linked to the scab resistance gene, *Rvn2*, in an inter-specific hybrid pear (*Pyrus* spp.). *The Journal of Horticultural Science and Biotechnology*. 2009;84(6): 619-624. DOI: 10.1080/14620316.2009.11512576
- Fisher R.A. On the interpretation of  $\chi^2$  from contingency tables, and the calculation of P. *Journal of the Royal Statistical Society*. 1922;85(1):87-94. DOI: 10.2307/2340521
- Gygax M., Gianfranceschi L., Liebhard R., Kellerhals M., Gessler C., Patocchi A. Molecular markers linked to the apple scab resistance gene *Vbj* derived from *Malus baccata jackii*. *Theoretical and Applied Genetics*. 2004;109:1702-1709. DOI: 10.1007/s00122-004-1803-9
- Hemmat M., Brown S.K., Weeden N.F. Tagging and mapping scab resistance genes from R12740-7A apple. *Journal of the American Society for Horticultural Science*. 2002;127(3):365-370. DOI: 10.21273/JASHS.127.3.365
- Inglis P.W., Pappas M.D.C.R., Resende L.V., Grattapaglia D. Fast and inexpensive protocols for consistent extraction of high quality DNA and RNA from challenging plant and fungal samples for high-throughput SNP genotyping and sequencing applications. *PLoS One*. 2018;13(10):e0206085. DOI: 10.1371/journal.pone.0206085
- Ishii H., Udagawa H., Nishimoto S., Tsuda T., Nakashima H. Scab resistance in pear species and cultivars. *Acta Phytopathologica et Entomologica Hungarica*. 1992;27:293-298.
- Ishii H., Yanase H. *Venturia nashicola*, the scab fungus of Japanese and Chinese pears: a species distinct from *V. pirina*. *Mycological Research*. 2000;104(6):755-759. DOI: 10.1017/S0953756299001720
- Khajuria Y.P., Kaul S., Wani A.A., Dhar M.K. Genetics of resistance in apple against *Venturia inaequalis* (Wint.) Cke. *Tree Genetics and Genomes*. 2018;14:1-20. DOI: 10.1007/s11295-018-1226-4
- Krivchenko V.I. (ed.). [Catalogue of the VIR global collection]. Issue 123. Catalogue of field resistance of pear to major diseases (Каталог полевой устойчивости груши к основным заболеваниям / под ред. В.И. Кривченко. Ленинград; 1974). [in Russian] ([Каталог мировой коллекции ВИР]. Вып. 123. Каталог полевой устойчивости груши к основным заболеваниям / под ред. В.И. Кривченко. Ленинград; 1974). (см. Приложение/see the Supplement)
- Langford M.H., Keitt E.N. Heterothallism and variability in *Venturia pirina*. *Phytopathology*. 1942;32:357-369.
- Li J., Zhang M., Li X., Khan A., Kumar S., Allan A.C., Lin-Wang K., Espley R.V., Wang C., Wang R., Xue C., Yao G., Qin M., Sun M., Tegtmeier R., Liu H., Wei W., Ming M., Zhang S., Zhao K., Song B., Ni J., An J., Korban S.S., Wu J. Pear genetics: recent advances, new prospects, and a roadmap for the future. *Horticulture Research*. 2022;9:1-25. DOI: 10.1093/hr/uhab040
- Oh S., Han H., Kim D. A novel pear scab (*Venturia nashicola*) resistance gene, *Rvn3*, from interspecific hybrid pear (*Pyrus pyrifolia* × *P. communis*). *Plants*. 2021;10(12):2632. DOI: 10.3390/plants10122632
- Pierantoni L., Dondini L., Cho K.-H., Shin I.-S., Gennari F., Chiodini R., Tartarini S., Kang S.-J., Sansavini S. Pear scab resistance QTLs via a European pear (*Pyrus communis*) linkage map. *Tree Genetics and Genomes*. 2007;3:311-317. DOI: 10.1007/s11295-006-0070-0
- Postman J.D., Spotts R.A., Calabro J. Scab resistance in *Pyrus* germplasm. *Acta Horticulturae*. 2005;671:601-608. DOI: 10.17660/ActaHortic.2005.671.84
- Potter D., Eriksson T., Evans R.C., Oh S., Smedmark J.E.E., Morgan D.R., Kerr M., Robertson K.R., Arsenault M., Dickinson T.A., Campbell C.S. Phylogeny and classification of Rosaceae. *Plant Systematics and Evolution*. 2007;266:5-43. DOI: 10.1007/s00606-007-0539-9
- Shabi E., Rotem J., Loebenstein G. Physiological races of *Venturia pirina* on pear. *Phytopathology*. 1973;63:41-43. DOI: 10.1094/Phyto-63-41
- Shabi E. Pear scab. In: A.L. Jones, H.S. Aldwinckle (eds). *Compendium of Apple and Pear Diseases*. St. Paul, Minnesota: APS Press; 1990. p.22-23.
- Sokolova O., Moročko-Bičevska I., Bankina B. Review of pear scab caused by *Venturia pirina*. *Research for Rural Development*. 2014;1:26-33. URL: [https://lbtufb.lbtu.lv/conference/Research-for-Rural-Development/2014/LatviaResearchRuralDevel20th\\_volume1-26-33.pdf](https://lbtufb.lbtu.lv/conference/Research-for-Rural-Development/2014/LatviaResearchRuralDevel20th_volume1-26-33.pdf) [дата обращения: 05.05.2025].
- Sokolova O., Moročko-Bičevska I. Evaluation of *Venturia pirina*

- virulence on European pear (*Pyrus communis*) cultivars by an in vitro methodology. *Journal of Phytopathology*. 2021;169(7-8):461-470. DOI: 10.1111/jph.13002
- Soufflet-Freslon V., Gianfranceschi L., Patocchi A., Dure C.E. Inheritance studies of apple scab resistance and identification of *Rvi14*, a new major gene that acts together with other broad-spectrum QTL. *Genome*. 2008;51:657-667. DOI: 10.1139/G08-046
- Sugar D., Hilton R.J. Potential organic methods for management of pear scab. *Acta Horticulturae*. 2011;909:527-530. DOI: 10.17660/ActaHortic.2011.909.63
- Tanaka S., Yamamoto S. Studies in pear scab. II. Taxonomy of the causal fungus of Japanese pear scab. *Annals of the Phytopathological Society of Japan*. 1964;29(3):128-136. [in Japanese]. DOI: 10.3186/jjphytopath.29.128
- Terakami S., Shoda M., Adachi Y., Gonai T., Kasumi M., Sawamura Y., Iketani H., Kotobuki K., Patocchi A., Gessler C., Hayashi T., Yamamoto T. Genetic mapping of the pear scab resistance gene *Vnk* of Japanese pear cultivar Kinchaku. *Theoretical and Applied Genetics*. 2006;113(4):743-752. DOI: 10.1007/s00122-006-0344-9
- Terakami S., Ogata N., Kita K., Gonai T., Saito T., Yamamoto T. Identification and genetic mapping of novel resistance gene, *Rvn4*, for pear scab in Chinese pear. *Scientia Horticulturae*. 2023;317:112032. DOI: 10.1016/j.scienta.2023.112032
- Thagushev N.A. Gardening of the Adyghe: folk traditions, description of varieties, forest gardens (Sadovodstvo adygov: narodnyie traditsii, opisaniye sortov, lesosady). Maykop: Adyghe Republican Book Publishing House; 2008. [in Russian] (Тхагушев Н.А. Садоводство адыгов: народные традиции, описание сортов, лесосады. Майкоп: Адыгейское республиканское книжное издательство; 2008).
- Verma L.R., Sharma R.C. Fungal and bacterial diseases of pear. In: L.R. Verma, R.C. Sharma. *Diseases of horticultural crops: fruits*. New Delhi: Indus Publishing company; 1999. p.140-166.
- Won K., Bastiaanse H., Kim Y.K., Song J.H., Kang S.S., Lee H.C., Cho K.H., Brewer L., Singla G., Gardiner S.E., Chagne D., Bus V.G.M. Genetic mapping of polygenic scab (*Venturia pirina*) resistance in an interspecific pear family. *Molecular Breeding*. 2014;34(4):2179-2189. DOI: 10.1007/s11032-014-0172-6
- Won K., Choi E.D., Kim K., Shin I.S., Hohg S., Segonzac C., Sohn K.H., Deng C.H., Brewer L., Chagné D., Bus V.G.M. Genetic mapping of two quantitative resistance loci to *Venturia nashicola* in an interspecific pear family. *Tree Genetics and Genomes*. 2024;20(3):18. DOI: 10.1007/s11295-024-01650-0

### Информация об авторах

**Анастасия Олеговна Гончаренко**, младший научный сотрудник, лаборатория молекулярной селекции и ДНК-паспортизации, отдел биотехнологии, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова (ВИР), 190000 Россия, Санкт-Петербург, ул. Большая Морская, 42, 44, aogoncharenko97@gmail.com, <https://orcid.org/0009-0007-2474-752X>

**Лариса Владимировна Багмет**, кандидат биологических наук, ведущий научный сотрудник, отдел агроботаники и *in situ* сохранения генетических ресурсов растений, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова (ВИР), 190000 Россия, Санкт-Петербург, ул. Большая Морская, 42, 44, l.bagmet@vir.nw.ru, <https://orcid.org/0000-0003-0768-0056>

**Марина Николаевна Петрова**, кандидат сельскохозяйственных наук, ведущий специалист, отдел генетических ресурсов плодовых культур, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова (ВИР), 190000 Россия, Санкт-Петербург, ул. Большая Морская, 42, 44, adressspb-petrova@yandex.ru, <http://orcid.org/0000-0001-5700-0384>

**Ольга Юрьевна Антонова**, кандидат биологических наук, ведущий научный сотрудник, и.о. заведующего, лаборатория молекулярной селекции и ДНК-паспортизации, отдел биотехнологии, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова (ВИР), 190000 Россия, Санкт-Петербург, ул. Большая Морская, 42, 44, olgaant326@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0001-8334-8069>

### Information about the authors

**Anastasiia O. Goncharenko**, Junior Researcher, Laboratory of Molecular breeding and DNA-genotyping, Department of Biotechnology, N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources (VIR), 42, 44, Bolshaya Morskaya Street, St. Petersburg, 190000 Russia, aogoncharenko97@gmail.com, <https://orcid.org/0009-0007-2474-752X>

**Larisa V. Bagmet**, Cand. Sci. (Biology), Leading 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.bagmet@vir.nw.ru, <https://orcid.org/0000-0003-0768-0056>

**Marina N. Petrova**, Cand. Sci. (Agriculture), Leading Specialist, Department of Genetic Resources of Fruit Crops, N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources (VIR), 42, 44, Bolshaya Morskaya Street, St. Petersburg, 190000 Russia, adressspb-petrova@yandex.ru, <http://orcid.org/0000-0001-5700-0384>

**Olga Yu. Antonova**, Cand. Sci. (Biology), Leading Researcher, Laboratory of Molecular Breeding and DNA-Genotyping, Department of Biotechnology, N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources (VIR), 42, 44, Bolshaya Morskaya Street, St. Petersburg, 190000 Russia, olgaant326@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0001-8334-8069>

**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 31.05.2025; одобрена после рецензирования 17.06.2025; принята к публикации 24.06.2025.

The article was submitted on 31.05.2025; approved after reviewing on 17.06.2025; accepted for publication on 24.06.2025.

Научная статья

УДК 634.11:632.4

DOI: 10.30901/2658-6266-2025-2-02



## Анализ генов устойчивости к парше и бактериальному ожогу у сортов яблони селекции Свердловской селекционной станции садоводства с использованием молекулярных маркеров

И. Н. Шамшин<sup>1</sup>, Д. Д. Тележинский<sup>2</sup>, А. В. Шлявас<sup>3</sup>

<sup>1</sup> Мичуринский государственный аграрный университет, Мичуринск, Россия

<sup>2</sup> Уральский федеральный аграрный научно-исследовательский центр, Екатеринбург, Россия

<sup>3</sup> Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова, Санкт-Петербург, Россия

**Автор, ответственный за переписку:** Иван Николаевич Шамшин, ivan\_shasmhin@mail.ru

**Актуальность.** На Свердловской селекционной станции садоводства созданы уникальные сорта яблони, адаптированные к выращиванию в суровых природно-климатических условиях Среднего Урала. Резкие перепады температур и значительное количество осадков в летний период способствуют развитию грибных и бактериальных болезней. Поэтому главным направлением селекции является создание форм с комплексом генов устойчивости к различным типам заболеваний. Для поиска источников ценных признаков актуальным остается использование метода молекулярных маркеров, который сокращает сроки анализа и позволяет проводить отбор непосредственно по наличию гена, а не по внешнему проявлению признака. Целью нашей работы был поиск генов устойчивости к парше и бактериальному ожогу у сортов яблони селекции Свердловской селекционной станции садоводства с использованием ДНК-маркеров. Для исследования были использованы: маркер Vfc гена устойчивости к парше *Rvi6*, маркеры AE10-375 и GE-8019 QTL FBF7 устойчивости к бактериальному ожогу яблони. Проведено сравнение результатов молекулярной идентификации гена устойчивости к парше и оценки полевой устойчивости исследуемых сортов в годы эпифитотий. Проанализирован 21 сорт яблони. **Результаты.** В ходе проведенных исследований ген *Rvi6* идентифицирован у трех сортов яблони – ‘Первоуральская’, ‘Аксёна’ и ‘Благая Весть’. Оценка полевой устойчивости к парше показала отсутствие поражения у ряда сортов. Установлено, что все сорта с фрагментом, являющимся свидетельством наличия гена *Rvi6*, не поражались паршой в годы соответствующих эпифитотий. У сортов ‘Таватуй’, ‘Розочка’, ‘Данила’, ‘ВЭМ Розовый’ и ‘Родниковая’ также отмечается отсутствие признаков заболевания. Анализ родословной показал, что при их создании были использованы доноры устойчивости к парше, несущие в себе ген *Rvi6*.

В анализируемой коллекции маркеры AE10-375 и GE-8019 QTL FBF7 устойчивости к бактериальному ожогу яблони отмечены практически у одинакового количества сортов (маркер AE10-375 идентифицирован у 12 образцов, а маркер GE-8019 у 10). Однако о наличии устойчивости свидетельствует присутствие двух маркеров в одном генотипе. Таких образцов выявлено пять – ‘Исеть Белая’, ‘Первоуральская’, ‘Аксёна’, ‘Серебряное Копытце’, ‘Благая Весть’. **Заключение.** Проведенные исследования позволили установить источники ценных признаков в сортах яблони уральской селекции. Идентифицированные генотипы являются перспективными для дальнейшего использования в селекционной работе и промышленном садоводстве.

**Ключевые слова:** *Malus domestica*, *Venturia inaequalis*, *Erwinia amylovora*, *Rvi6*, QTL FBF7

**Благодарности:** работа выполнена при поддержке Минобрнауки РФ в рамках Государственного задания ФГБНУ «Уральский федеральный аграрный научно-исследовательский центр Уральского отделения Российской академии наук» тема № 0532-2021-0008 «Создание конкурентоспособных, высокоурожайных сортов зерновых, зернобобовых, кормовых, плодово-ягодных культур и картофеля мирового уровня на основе перспективных генетических ресурсов, устойчивых к био- и абиотическим факторам» и в рамках Государственного задания согласно тематическому плану ВИР по проекту № FGEM-2025-0004 «Совершенствование подходов и методов *ex situ* сохранения идентифицированного генофонда плодовых, ягодных культур, винограда и их диких родичей, разработка технологий их эффективного использования в селекции»

**Для цитирования:** Шамшин И.Н., Тележинский Д.Д., Шлявас А.В. Анализ генов устойчивости к парше и бактериальному ожогу у сортов яблони селекции Свердловской селекционной станции садоводства с использованием молекулярных маркеров. *Биотехнология и селекция растений*. 2025;8(2):38-47. DOI: 10.30901/2658-6266-2025-2-02

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.

© Шамшин И.Н., Тележинский Д.Д., Шлявас А.В., 2025



## Original article

DOI: 10.30901/2658-6266-2025-2-02

## Molecular marker analysis of genes of resistance to scab and fire blight in the apple cultivars bred at the Sverdlovsk Horticultural Breeding Station

Ivan N. Shamshin<sup>1</sup>, Dmitry D. Telezhinskiy<sup>2</sup>, Anna V. Shlyavas<sup>3</sup><sup>1</sup> Michurinsk State Agrarian University, Michurinsk, Russia<sup>2</sup> Ural Federal Agricultural Research Center, Ekaterinburg, Russia<sup>3</sup> N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources, St. Petersburg, Russia**Corresponding author:** Ivan N. Shamshin, ivan\_shamshin@mail.ru

**Background.** Unique apple cultivars have been created at the Sverdlovsk Horticultural Breeding Station and adapted to growing in the harsh natural and climatic conditions of the Middle Urals. Sharp temperature changes and a significant amount of precipitation in summer contribute to the development of fungal and bacterial diseases. Therefore, the main direction in breeding is the creation of forms with a complex of genes for resistance to various types of diseases. To search for sources of valuable features, the use of the molecular marker method remains relevant, which shortens the analysis time and allows for selection directly on the basis of gene presence instead of the external manifestation of a trait. The aim of our work was to search for scab and fire blight resistance genes in apple cultivars bred by the Sverdlovsk Breeding Station of Horticulture using DNA markers. The study used the VfC marker of the *Rvi6* scab resistance gene, AE10-375 and GE-8019 QTL FBF7 markers of resistance to fire blight of apple trees. The results of molecular identification of the scab resistance gene were compared with those of evaluating the field resistance in the cultivars studied during the epiphytotic years. 21 apple cultivars were analyzed. **Results.** In the course of the research, the *Rvi6* gene was identified in three apple cultivars – ‘Pervouralskaya’, ‘Aksyona’ and ‘Blagaya Vest’. An assessment of field resistance to scab showed that a number of cultivars were not affected. It was established that all varieties with a fragment indicating the presence of the *Rvi6* gene were not affected by scab during epiphytotic years. The cultivars ‘Tavatyuy’, ‘Rozochka’, ‘Danila’, ‘VEM Rozovyj’, and ‘Rodnikovaya’ also showed no signs of the disease. The pedigree analysis showed that scab resistance donors carrying the *Rvi5* gene were used to create these cultivars. In the analyzed collection, markers AE10-375 and GE-8019 QTL FBF7 of resistance to bacterial fire blight of apple trees were noted in almost the same number of cultivars (AE10-375 was identified in 12 accessions, and GE-8019 in 10). However, the presence of resistance is evidenced by the presence of two markers in one genotype. The five identified accessions are ‘Iset Belaya’, ‘Pervouralskaya’, ‘Aksyona’, ‘Serebryanoye Kopyttse’, and ‘Blagaya Vest’. **Conclusions.** The performed research made it possible to establish the sources of valuable characters in apple cultivars bred in the Urals. The identified genotypes are promising for further use in breeding and industrial horticulture.

**Keywords:** *Malus domestica*, *Venturia inaequalis*, *Erwinia amylovora*, *Rvi6*, QTL FBF7

**Acknowledgements:** The research was supported by the Ministry of Science and Higher Education of the Russian Federation within the framework of the State Assignment to the Ural Federal Agricultural Research Centre, Topic No. 0532-2021-0008 “Creation of competitive, high-yielding cultivars of cereals, grain legumes, forage, fruit and berry crops and potatoes on the basis of promising genetic resources resistant to bio- and abiotic factors”, and within the framework of the State Assignment to VIR, Theme Plan Project No. FGEM-2025-0004 “Improving the approaches and methods for *ex situ* conservation of the identified genetic diversity of vegetatively propagated crops and their wild relatives, and development of technologies for their effective utilization in plant breeding”

**For citation:** Shamshin I.N., Telezhinskiy D.D., Shlyavas A.V. Molecular marker analysis of genes of resistance to scab and fire blight in the apple cultivars bred at the Sverdlovsk Horticultural Breeding Station. *Plant Biotechnology and Breeding*. 2025;8(2):38-47. (In Russ.). DOI: 10.30901/2658-6266-2025-2-02

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.

© Shamshin I.N., Telezhinskiy D.D., Shlyavas A.V., 2025

## Введение

Одним из регионов с суровыми природно-климатическими условиями для ведения садоводства в России является Средний Урал. Основными лимитирующими факторами для плодовых культур здесь являются повреждающие зимние температуры ниже  $-30^{\circ}\text{C}$ , короткий вегетационный период продолжительностью 109-119 дней и низкая сумма активных температур ( $1600-1800^{\circ}\text{C}$ ). Создание здесь современного сортимента яблони происходило путем насыщающих скрещиваний местных высокозимостойких форм, произошедших от яблони сибирской, или яблони ягодной *Malus baccata* (L.) Borkh., с сортами средней и южной полосы России (Telezhinskiy et al., 2020).

Начиная с XIX века садоводы-любители предпринимали попытки выращивать плодовые растения из центральных губерний Российской Империи, но только к началу 30-х годов XX века появились первые положительные результаты, а организация в 1935 году Свердловской селекционной станции садоводства положила начало научному плодоводству на Среднем Урале (Slepneva, Shlyavas, 2021).

В настоящее время на Свердловской селекционной станции садоводства создано 20 сортов яблони, рекомендованных для выращивания в Волго-Вятском регионе России, а также имеется обширный гибридный фонд (Telezhinskiy, Shlyavas, 2025). Одним из основных направлений работы уральских селекционеров является создание сортов яблони с комплексной устойчивостью к грибным и бактериальным болезням, так как резкие перепады температур и значительное количество осадков в летний период способствуют их активному развитию.

Грибные болезни являются наиболее распространенными причинами снижения урожайности в яблоневых насаждениях, одно из них – парша яблони.

Парша – вредоносное и широко распространенное заболевание яблони, вызываемое грибом *Venturia inaequalis* (Cooke) G. Winter. Он поражает листья, черешки, цветки, плоды, плодоножки и побеги – прирост текущего года. Споры парши имеют высокую устойчивость к низким температурам, что способствует ее распространению в регионах с холодным климатом. Повышенная влажность в период вегетации ускоряет развитие заболевания. Растения, пораженные паршой, имеют ослабленный иммунитет, значительно снижается их устойчивость к низким температурам, а качество и количество товарной продукции ухудшается (Boudichevskaia et al., 2009).

Активно ведется работа по созданию устойчивых к парше сортов яблони. У дикорастущих видов рода *Malus* Mill. идентифицирована как моногенная, так и полигенная устойчивость к возбудителю болезни. Ряд генов был интрогрессирован в культурные сорта яблони. Наиболее известным является ген *Rvi6* (*Vf*), полученный из *M. floribunda* 821. В настоящее время, известно в общей сложности 20 генов, связанных с различной

степенью устойчивости к парше, в том числе: *Rvi5* (*Vr*), *Rvi2* (*Vh2*) и *Rvi4* (*Vh4*) из *Malus pumila* R12740-7a, *Rvi11* (*Vbj*), идентифицированный в генотипе A722-7 (*Malus baccata* *jackii* × ‘Starking’), *Rvi10* (*Va*) из сорта ‘Антоновка’ PI172623, *Rvi1* (*Vg*) из ‘Golden Delicious’ и *Rvi5* (*Vm*) из *Malus micromalus*. Другие источники, несущие гены резистентности: ‘Dülmener Rosenapfel’ (*Rvi14*), GMAL2473 (*Rvi15*), MISop 93.051 G07-098 (*Rvi16*) и ‘Антоновка’ APF22 (*Rvi17*) (Podwyszyńska et al., 2021).

Применение современных методов генетики в селекционной работе позволяет проводить пирамидирование генов устойчивости к парше в одном генотипе. Использование молекулярных маркеров в анализе исходных форм значительно сокращает сроки получения новых высокоустойчивых генотипов. На сегодняшний день разработаны ДНК-маркеры для отдельных генов устойчивости (Boudichevskaia et al., 2004; Liebhard et al., 2003; Afunian et al., 2004; Patocchi et al., 2004; Patocchi et al., 2005; Khajuria et al., 2018).

Еще одним заболеванием, наносящим значительный ущерб отрасли садоводства, является бактериальный ожог плодовых. Возбудителем является грамотрицательная фитопатогенная энтеробактерия *Erwinia amylovora* (Burrill.) Winslow et al. В большинстве стран мира, в том числе и в России, бактериальный ожог – карантинное заболевание. Для борьбы с ним на сегодняшний день не разработано эффективных методов. В России заболевание, вызываемое *E. amylovora*, распространено в южных и центральных регионах страны. Однако, это достаточно пластичный патоген. Наиболее значительным ограничивающим фактором его распространения на территории Российской Федерации может быть высокая устойчивость произрастающих растений-хозяев (Karimova et al., 2013).

Садоводство на Среднем Урале активно развивается. На сегодняшний день яблоню в регионе выращивают как в промышленных садах, так и в частном секторе. Созданные сорта яблони адаптированы для выращивания в местных климатических условиях. Кроме того, они успешно выращиваются и в более южных регионах страны. Поэтому актуальным остается вопрос оценки устойчивости этих сортов к бактериальному ожогу (Котов, 2019). Для идентификации генов устойчивости к данному заболеванию у яблони широко используют молекулярные маркеры. Они успешно применяются для оценки генетических коллекций и поиска источников ценного признака. К настоящему времени не выявлено отдельных генов, контролирующих устойчивость к бактериальному ожогу. Однако идентифицирован ряд QTL, связанных с данным признаком. Созданные для них молекулярные маркеры применяются для оценки сортов и гибридов яблони (Khan et al., 2007; Flachowsky et al., 2008; Baldo et al., 2010; Wöhner et al., 2014; Kost, 2016).

Цель нашей работы – провести идентификацию генов устойчивости к парше и бактериальному ожогу с использованием молекулярных маркеров у сортов яблони, соз-

данных селекционерами Свердловской селекционной станции садоводства.

## Материалы и методы

Биологическим объектом исследования был 21 сорт яблони селекции Свердловской селекционной станции садоводства – структурного подразделения Федерального государственного бюджетного научного учреждения «Уральский федеральный аграрный научно-исследовательский центр Уральского отделения Российской академии наук» (ФГБНУ УрФАНИЦУРО РАН).

ДНК экстрагировали из молодых листьев с использованием набора Quick-DNA Plant/Seed Miniprep Kit (ZymoResearch, США) согласно протоколу производителя. Амплификацию проводили в приборе SimpliAmp производства «Applied Biosystems» (США). Реакционная смесь для ПЦР объемом 15 мкл содержала: 20 нг ДНК, 1,5 мМ dNTP, 2,5 мМ MgSO<sub>4</sub>, 10 пМ каждого праймера, 1 е.а. (активных единиц) Taq-полимеразы и 10 × стандартный ПЦР-буфер (Thermo Fisher Scientific, США).

Праймеры синтезированы НПК «Синтол» (Россия). Последовательности представлены в таблице 1.

Таблица 1. Последовательности пар праймеров, использованных в работе

Table 1. Sequences of primer pairs used in the study

Праймер/ Primer	Последовательность/ Sequence (5'→ 3')	Температура отжига, °C/ Annealing temperature, °C	Источник/ Reference
AE10-375	FCTAAGCGCACGTTCTCC RCTGAAGCGCATCATTTCTGATAG	55	Khan et al., 2007
GE-8019	F TTGAGACCGATTTTCGTGTG R TCTCTCCCAGAGCTTCATTGT	55	
CH-F7-Fb1	F AGCCAGATCACATGTTTTTCATC R ACAACGGCCACCAGTTTATC	60	
VfC	F GGTTTCCAAAGTCCAATTCC RCGTTAGCATTTTGAGTTGAC	58	Afunian et al., 2004

После амплификации образцы разделяли путем электрофореза в 2% агарозном геле. В качестве маркера молекулярного веса ДНК использовали GeneRuler 100 bp DNA Ladder (Thermo Fisher Scientific, США). Гели анализировали в ультрафиолетовом свете и фотографировали с использованием цифровой фотокамеры.

Степень поражения плодов изучаемых сортов яблони оценивали в годы эпифитотий парши: 2001, 2002, 2003, 2005, 2011, 2014, 2015, 2017 – на естественном инфекционном фоне. Наблюдения проводили на базе уникальной научной установки коллекции живых растений открытого грунта «Генофонд плодовых, ягодных и декоративных культур на Среднем Урале» в Екатеринбурге.

Учет поражения плодов паршой проводили согласно «Программе и методике сортоизучения плодовых, ягодных и орехоплодных культур» (Sedov, Ogoltsova, 1999). Степень поражения каждого плода оценивали по следующим показателям в баллах:

- 0 – признаки поражения отсутствуют;
- 1 – единичные мелкие пятна парши в виде точек;
- 2 – немногочисленные не крупные пятна парши диаметром более 1 см, спороношение слабое или умеренное;
- 3 – мелкие и крупные пятна парши диаметром более 1 см, спороношение умеренное, некоторые пятна с неглубокими трещинами;
- 4 – пятна многочисленные, крупные, с темным налетом

спорношения, с трещинами, занимающими до 10% поверхности плода;

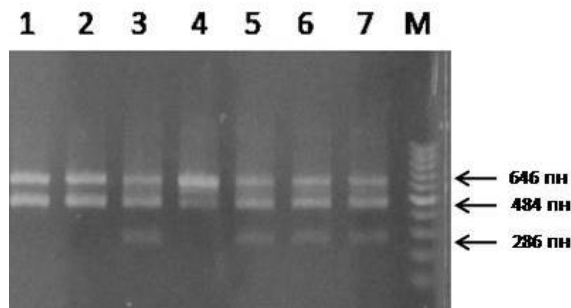
5 – пятна многочисленные, сливающиеся, опробковевшие, глубокие растрескивания занимают более 10% поверхности плода.

Растения с поражением 0 баллов относили к высокоустойчивым, 1 балл – к устойчивым, 2 балла – к среднеустойчивым, 3 балла – к средневосприимчивым, 4 балла – к восприимчивым, 5 баллов – к сильновосприимчивым.

## Результаты

Идентификацию генов устойчивости к болезням яблони проводили с использованием ранее созданных и успешно используемых в селекции яблони маркеров.

Для поиска гена *Rvi6* применяли STS-маркер VfC. При амплификации ДНК яблони синтезируются фрагменты размером 646 пн и 484 пн. Эти фрагменты характерны как для устойчивых, так и для восприимчивых генотипов. Для иммунных форм характерно наличие фрагмента размером 286 пн (Afunian et al., 2004) (рис. 1). В качестве положительного контроля был использован сорт яблони 'Былина' у которого ранее был идентифицирован данный ген (Shamshin et al., 2011).



**Рис. 1. Электрофореграмма продуктов амплификации маркера VfC:**  
1 – ‘Розочка’, 2 – ‘Исеть Белая’, 3 – ‘Первоуральская’, 4 – ‘Данила’, 5 – ‘Аксёна’,  
6 – ‘Благая Весть’, 7 – ‘Былина’, М – маркер молекулярного веса ДНК (100 пп)

**Fig. 1. Electrophoregram of VfC marker amplification products:**  
1 – ‘Rozochka’, 2 – ‘Iset Belaya’, 3 – ‘Pervouralskaya’, 4 – ‘Danila’, 5 – ‘Aksyona’,  
6 – ‘Blagaya Vest’, 7 – ‘Bylina’, M – 100 bp molecular weight ladder

Анализ электрофоретических спектров сортов яблони селекции Свердловской станции садоводства показал, что фрагменты 646 пп и 484 пп были идентифицированы у всех исследуемых образцов. Фрагмент размером 286 пп, указывающий на присутствие гена *Rvi6*, идентифицирован у трех сортов – ‘Первоуральская’, ‘Аксёна’ и ‘Благая Весть’ (табл. 2).

При полевой оценке повреждение плодов отсутство-

вало у сортов ‘Розочка’, ‘Таватуй’, ‘Первоуральская’, ‘Данила’, ‘Аксёна’, ‘ВЭМ Розовый’, ‘Родниковая’ и ‘Благая Весть’. Максимальное поражение 3 балла имели сорта: ‘Свердловчанин’, ‘Краса Свердловска’, ‘Экранное’, ‘Серебряное Копытце’, ‘Исетское Позднее’ и ‘Уральское Розовое’. Остальные образцы имели повреждения в 1-2 балла (см. табл. 2).

**Таблица 2. Результаты идентификации сортов с маркером устойчивости к парше и степень поражения их плодов**

**Table 2. The results of identification of cultivars with scab resistance markers, and the degree of their fruit damage**

Сорт/ Cultivar	Размер амплифицированного фрагмента, пп/ Amplified fragment size, bp			Происхождение/ Origin	Максимальная степень поражения паршой плодов, балл/ Maximum degree of scab damage to fruits, points
	646	484	286		
‘Свердловчанин’	+	+	–	‘Янтарь’ × (‘Оранжевое’ + ‘Самоцвет’ + ‘Звездочка’)	3
‘Сокол Ясный’	+	+	–	‘Mantet’ от своб. опыления	2
‘Таватуй’	+	+	–	‘Уральский Сувенир’ × SR0523 (донор гена <i>Rvi5</i> )	0
‘Краса Свердловска’	+	+	–	Сеянец от свободного опыления крупноплодного сорта	3
‘Розочка’	+	+	–	‘Серебряное Копытце’ × ‘Орловим’ (донор гена <i>Rvi5</i> )	0
‘Исеть Белая’	+	+	–	Сеянец неизвестного происхождения	2
‘Первоуральская’	+	+	+	‘Персиянка’ × BM41497 (донор гена <i>Rvi6</i> )	0
‘Папироянтарное’	+	+	–	‘Папировка’ × ‘Янтарь’	2
‘Данила’	+	+	–	‘Уральский Сувенир’ × SR0523 (донор гена <i>Rvi5</i> )	0

**Таблица 2. (Продолжение)**

‘Аксёна’	+	+	+	‘Серебряное Копытце’ × 22-40-67 (донор гена <i>Rvi6</i> )	0
‘Экранное’	+	+	–	‘Янтарь’ × (‘Оранжевое’ + ‘Самоцвет’ + ‘Звездочка’)	3
‘Розоватое Зимнее’	+	+	–	‘Янтарь’ × ‘Ренет Писгуда’	1
‘ВЭМ Розовый’	+	+	–	‘Уральский Сувенир’ × SR0523 (донор гена <i>Rvi5</i> )	0
‘Соковое 3’	+	+	–	‘Уральское Наливное’ × ‘Урожайное’	1
‘Горнист’	+	+	–	Сеянец от свободного опыления формы №2-8-2 (‘Коричное Полосатое’ × смесь пыльцы уральских сортов)	1
‘Родниковая’	+	+	–	‘Уральский Сувенир’ × SR0523 (донор гена <i>Rvi5</i> )	0
‘Серебряное Копытце’	+	+	–	‘Снежинка’ × ‘Радуга’	3
‘Исетское Позднее’	+	+	–	‘Щедрая’ × ‘Янтарь’	3
‘Румянка Свердловская’	+	+	–	‘Апорт’ × ‘Выдубецкая Плакучая’	1
‘Благая Весть’	+	+	+	X-2034 (донор гена <i>Rvi6</i> ) × ‘Краса Свердловска’	0
‘Уральское Розовое’	+	+	–	‘Уралец’ × ‘Розовое Превосходное’	3
‘Былина’ (К+)*	+	+	+		

\*–  устойчивые генотипы

К+ – положительный контроль

«+» - наличие фрагмента, «–» – отсутствие фрагмента



**Рис. 2. Электрофореграмма продуктов амплификации маркера AE10-375:**

1 – ‘Свердловчанин’, 2 – ‘Сокол Ясный’, 3 – ‘Таватуй’, 4 – ‘Краса Свердловска’, 5 – ‘Розочка’, 6 – ‘Исеть Белая’, 7 – ‘Первоуральская’, 8 – ‘Папироянтарное’, 9 – ‘Данила’, 10 – ‘Аксёна’, 11 – ‘Экранное’, 12 – ‘Розоватое Зимнее’, 13 – ‘ВЭМ Розовый’, 14 – ‘Соковое 3’, 15 – ‘Горнист’, 16 – ‘Родниковая’, 17 – ‘Ремоа’, М – маркер молекулярного веса ДНК (100 пн)

**Fig. 2. Electrophoregram of AE10-375 marker amplification products:**

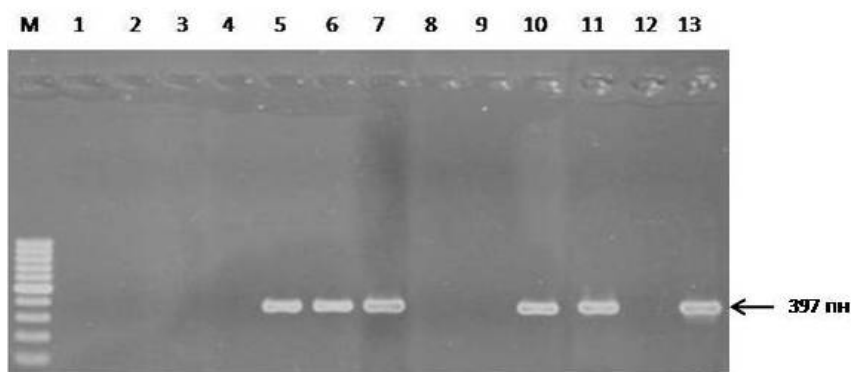
1 – ‘Sverdlovchanin’, 2 – ‘Sokol Yasnyj’, 3 – ‘Tavatuy’, 4 – ‘Krasa Sverdlovskaya’, 5 – ‘Rozochka’, 6 – ‘Iset Belaya’, 7 – ‘Pervouralskaya’, 8 – ‘Papiroyantarnoye’, 9 – ‘Danila’, 10 – ‘Aksyona’, 11 – ‘Ekrannoye’, 12 – ‘Rozovatoe Zimnee’, 13 – ‘VEM Rozovyyj’, 14 – ‘Sokovoye 3’, 15 – ‘Gornist’, 16 – ‘Rodnikovaya’, 17 – ‘Remoa’, M – 100 bp molecular weight ladder

Для идентификации локуса FBF7 разработаны SCAR-маркеры AE10-375 и GE-8019 (Khan et al., 2007).

Для SCAR-маркера AE10-375 характерно наличие фрагмента 375 пн, а для маркера GE-8019 – фрагмента 397 пн. В качестве положительного контроля использовали сорт яблони ‘Ремоа’, у которого ранее было показано наличие данных маркеров (Khan et al., 2007). Пример идентификации используемых маркеров представлен

на рисунках 2 и 3.

В результате проведенного анализа маркер AE10-375 идентифицирован у 12 сортов: ‘Розочка’, ‘Исеть Белая’, ‘Первоуральская’, ‘Аксёна’, ‘ВЭМ Розовый’, ‘Соковое 3’, ‘Горнист’, ‘Серебряное Копытце’, ‘Исетское Позднее’, ‘Румянка Свердловская’, ‘Благая Весть’, ‘Уральское Розовое’ (табл. 3).



**Рис. 3. Электрофореграмма продуктов амплификации маркера GE-8019:**

1 – ‘Свердловчанин’, 2 – ‘Таватуй’, 3 – ‘Розочка’, 4 – ‘Данила’, 5 – ‘Сокол Ясный’, 6 – ‘Исеть Белая’, 7 – ‘Первоуральская’, 8 – ‘ВЭМ Розовый’, 9 – ‘Соковое 3’, 10 – ‘Аксёна’, 11 – ‘Экранное’, 12 – ‘Родниковая’, 13 – ‘Ремоа’, М – маркер молекулярного веса ДНК (100 пн)

**Fig. 3. Electrophoregram of GE-8019 marker amplification products:**

1 – ‘Sverdlovchanin’, 2 – ‘Tavatuy’, 3 – ‘Rozochka’, 4 – ‘Danila’, 5 – ‘Sokol Yasnyj’, 6 – ‘Iset Belaia’, 7 – ‘Pervouralskaya’, 8 – ‘VEM Rozovyj’, 9 – ‘Sokovoye 3’, 10 – ‘Aksyona’, 11 – ‘Ekrannoye’, 12 – ‘Rodnikovaya’, 13 – ‘Remoa’, M – 100 bp molecular weight ladder

**Таблица 3. Распределение маркеров QTL FBF7 у изученных сортов яблони**

**Table 3. Distribution of QTL FBF7 markers in the studied apple cultivars**

Сорт/ Cultivar		Маркеры/ Markers	
		GE-8019 (397 пн)	AE10-375 (375 пн)
1	‘Свердловчанин’	–	–
2	‘Сокол Ясный’	+	–
3	‘Таватуй’	–	–
4	‘Краса Свердловска’	+	–
5	‘Розочка’	–	+
6	‘Исеть Белая’	+	+
7	‘Первоуральская’	+	+
8	‘Папироянтарное’	+	–
9	‘Данила’	–	–
10	‘Аксёна’	+	+
11	‘Экранное’	+	–
12	‘Розоватое Зимнее’	+	–
13	‘ВЭМ Розовый’	–	+
14	‘Соковое 3’	–	+
15	‘Горнист’	–	+
16	‘Родниковая’	–	–
17	‘Серебряное Копытце’	+	+
18	‘Исетское Позднее’	–	+
19	‘Румянка Свердловская’	–	+
20	‘Благая Весть’	+	+
21	‘Уральское Розовое’	–	+
22	‘Ремоа’ (K+)	+	+

\* –  устойчивые генотипы; K+ – положительный контроль  
«+» – наличие фрагмента, «–» – отсутствие фрагмента

Сочетание двух маркеров GE-8019 и AE10-375 в одном генотипе выявлено у сортов 'Исеть Белая', 'Первоуральская', 'Аксёна', 'Серебряное Копытце', 'Благая Весть'.

### Обсуждение

Маркер VfC разработан на основе анализа консервативной последовательности гена семейства *HcrVf* и является доминантным (Afunian et al., 2004). Он успешно применяется для анализа отечественных и зарубежных генетических коллекций яблони (Afunian et al., 2004; Patocchi et al., 2009; Bus, 2011; Baumgartner et al., 2015; Suprun et al., 2016; Sheikh et al., 2020; Lyzhin, Savel'eva, 2021; Dolzhikova, 2022; Suprun et al., 2023; Ulyanovskaya et al., 2024).

Данные, полученные в ходе молекулярно-генетического анализа, мы сравнили с полевой устойчивостью изучаемых сортов. Мы отметили, что поражение плодов отсутствовало как у сортов с геном *Rvi6*, так и без него.

Анализ родословной (см. табл. 2) показал, что у всех устойчивых сортов среди родительских форм присутствуют доноры устойчивости к парше. В происхождении сортов 'Первоуральская', 'Аксёна' и 'Благая Весть' участвовали доноры гена *Rvi6*, наличие которого подтвердилось в ходе анализа ДНК. У сортов 'Таватуй', 'Розочка', 'Данила', 'ВЭМ Розовый' и 'Родниковая' исходными формами были доноры гена *Rvi5* – форма SR0523 и сорт 'Орловим', что, вероятно, и обуславливает их устойчивость.

В целом, в исследуемой коллекции большинство сортов имеет слабую степень поражения и лишь некоторые из них поражаются на уровне среднего значения используемой шкалы. Это показывает, что большая часть исследуемых сортов представляет интерес как источник устойчивости к парше и может быть использована для дальнейшей селекционной работы.

QTL FBF7 устойчивости яблони к бактериальному ожогу был определен на седьмой (7) хромосоме у сорта 'Fiesta'. Корреляция с фенотипическим проявлением признака QTL – 34,3-46,6% (Calenge et al., 2005). Для идентификации данного локуса были созданы два SCAR-маркера. Доминантные маркеры AE10-375 и GE-8019 фланкируют участок хромосомы 7, где расположен QTL. Работа маркеров была проверена на контрастных формах яблони путем искусственного заражения. Наличие обоих маркеров в одном генотипе говорит о наличии устойчивости (Khan et al., 2007).

Данные маркеры были ранее использованы для анализа отечественных коллекций сортов и клоновых подвоев яблони (Drenova et al., 2019; Shamshin et al., 2020). Сравнение полученных результатов в аналогичных исследованиях показало, что наиболее часто встречается маркер AE10-375. Анализ 33 сортов из Франции показал, что у большинства из них присутствуют сочетания маркеров AE10-375 и GE-8019. Наличие маркера GE-8019 идентифицировано менее чем у половины образцов (Khan et al.,

2007). Исследователи 31 венгерского сорта яблони установили, что у большинства сортов присутствует маркер AE10-375 и только у половины отмечен GE-8019. В этой же статье отмечено, что при скрещивании двух форм, гомозиготных по AE10-375, из 32 полученных растений маркер выявлен у 22. (Tóth et al., 2013). Маркеры AE10-375 и GE-8019 использовали для анализа 31 сорта яблони казахской селекции. Наличие двух маркеров было отмечено только у двух сортов. Маркер AE10-375 идентифицирован у 8 сортов, маркер GE-8019 у 4 (Omasheva et al., 2016).

Среди тестируемых нами сортов маркер AE10-375 идентифицирован у 12 образцов, а маркер GE-8019 у 10. Однако о наличии устойчивости свидетельствует лишь наличие двух маркеров в одном генотипе. Нами установлено пять таких сортов (см. табл. 3). Они представляют интерес в качестве источников устойчивости к бактериальному ожогу.

Мы установили, что сорта 'Первоуральская', 'Аксёна' и 'Благая Весть' сочетают в своем генотипе все анализируемые маркеры.

### Заключение

Проведенные исследования показали, что у сортов яблони, созданных на Свердловской селекционной станции садоводства, имеются гены устойчивости к парше и бактериальному ожогу. Ген *Rvi6* идентифицирован у сортов: 'Первоуральская', 'Аксёна', 'Благая Весть'. Анализ полевой устойчивости показал, что данные сорта не имеют поражения, что говорит о наличии у них устойчивости к данному заболеванию.

Наличие маркеров QTL FBF7 устойчивости к бактериальному ожогу идентифицировано у пяти сортов: 'Исеть Белая', 'Первоуральская', 'Аксёна', 'Серебряное Копытце', 'Благая Весть'.

У трех сортов из изучаемой выборки – 'Первоуральская', 'Аксёна' и 'Благая Весть' – выявлено сочетание всех изученных маркеров. Данные сорта яблони обладают комплексной устойчивостью и представляют интерес для садоводства и дальнейшей селекционной работы.

### References/Литература

- Afunian M.R., Goodwin P.H., Hunter D.M. Linkage of *Vfa4* in *Malus × domestica* and *Malus floribunda* with *Vf* resistance to the apple scab pathogen *Venturia inaequalis*. *Plant Pathology*. 2004;53(4):461-467. DOI: 10.1111/j.1365-3059.2004.01047.x
- Baldo J.L., Farrell R.E., Bassett C.L., Aldwinckle H.S., Malnoy M. Identification of genes differentially expressed during interaction of resistant and susceptible apple cultivars (*Malus × domestica*) with *Erwinia amylovora*. *BMC Plant Biology*. 2010;10(1):1. DOI: 10.1186/1471-2229-10-1
- Baumgartner I.O., Patocchi A., Frey J.E., Peil A., Kellerhals M. Breeding elite lines of apple carrying pyramided homozygous resistance genes against apple scab and resistance against powdery mildew and fire blight. *Plant Molecular Biology Reporter*. 2015;33(5):1573-1583. DOI: 10.1007/s11105-015-0858-x
- Boudichevskaya A., Flachowsky H., Dunemann F. Identification and molecular analysis of candidate genes homologous to

- HcrVf* genes for scab resistance in apple. *Plant breeding*. 2009;128(1):84-91. DOI: 10.1111/j.1439-0523.2008.01537.x
- Boudichevskaia A., Flachowsky H., Fischer C., Hanke V., Dunemann F. Development of molecular markers for *Vr1*, a scab resistance factor from R12740-7A apple. *Acta Horticulturae*. 2004;663:171-176. DOI: 10.17660/ActaHortic.2004.663.24
- Bus V.G.M. Revision of the nomenclature of the differential host-pathogen inter-actions of *Venturia inaequalis* and *Malus*. *Annual Review of Phytopathology*. 2011;49(1):391-413. DOI: 10.1146/annurev-phyto-072910-095339
- Calenge F., Drouet D., Denancé C., Van de Weg W.E., Brisset M.-N., Paulin J.-P., Durel C.-E. Identification of a major QTL together with several minor additive or epistatic QTLs for resistance to fire blight in apple in two related progenies. *Theoretical and Applied Genetics*. 2005;111(1):128-135. DOI: 10.1007/s00122-005-2002-z
- Dolzikhova M.A. Analysis of the apple tree (*Malus* Mill.) hybrid fund for the presence of the DNA marker of the *Vf* gene of resistance to scab (*Venturia inaequalis*). *Breeding and variety cultivation of fruit and berry crops*. 2022;9(1):47-51. [in Russian] (Должихова М.А. Анализ гибридного фонда яблони (*Malus* Mill.) на наличие ДНК-маркера гена *Vf* устойчивости к парше (*Venturia inaequalis*). *Селекция и сортопроизводство садовых культур*. 2022;9(1):47-51). DOI: 10.24411/25000454\_2022\_0109
- Drenova N.V. Fire blight in the Russian Federation and current approaches to its diagnostics. *Pomiculture and small fruits culture in Russia*. 2019;58:131-137. [in Russian] (Дренова Н.В. Ожог плодовых культур в Российской Федерации и современные подходы к его диагностике. *Плодоводство и ягодоводство России*. 2019;58:131-137). DOI: 10.31676/2073-4948-2019-58-131-137
- Flachowsky H., Richter K., Kim W.S., Geider K., Hanke M.V. Transgenic expression of a viral EPS-depolymerase is potentially useful to induce fire blight resistance in apple. *Annals of Applied Biology*. 2008;153(3):345-355. DOI: 10.1111/j.1744-7348.2008.00264.x
- Karimova E.V., Shnejder E.Yu., Smirnova I.P. Predicting the spread of the bacterial blight pathogen in fruit crops (Prognozirovanie rasprostraneniya vozбудitelya bakteriального ozhoga plodovykh kul'tur). *Zashchita i Karantin Rastenii = Plant Protection and Quarantine*. 2013;9:40-43. [in Russian] (Каримова Е.В., Шнейдер Е.Ю., Смирнова И.П. Прогнозирование распространения возбудителя бактериального ожога плодовых культур. *Защита и карантин растений*. 2013;9:40-43).
- Khajuria Y.P., Kaul S., Wani A.A., Dhar M.K. Genetics of resistance in apple against *Venturia inaequalis* (Wint.) Cke. *Tree Genetics and Genomes*. 2018;14(16). DOI: 10.1007/s11295-018-1226-4
- Khan M.A., Durel C.E., Duffy B., Drouet D., Kellerhals M., Gessler C., Patocchi A. Development of molecular markers linked to the 'Fiesta' linkage group 7 major QTL for fire blight resistance and their application for marker-assisted selection. *Genome*. 2007;50(6):568-577. DOI: 10.1139/G07-033
- Kost T.D. Functionality of the *FB MR5* fire blight resistance gene of *Malus × robusta* 5 [dissertation]. ETH Zürich; 2016. DOI: 10.3929/ethz-a-010656323
- Kotov L.A. Apple breeding in the Middle Urals. *Contemporary horticulture*. 2019;2:13-21. [in Russian] (Котов Л.А. Селекционная работа по яблоне на Среднем Урале. *Современное садоводство*. 2019;2:13-21). DOI: 10.24411/2312-6701-2019-10203
- Liebhart R., Koller B., Patocchi A., Kellerhals M., Pfammatter W., Jermini M., Gessler C. Mapping quantitative field resistance against apple scab in a 'Fiesta' × 'Discovery' progeny. *Phytopathology*. 2003;93(4):493-501. DOI: 10.1094/PHYTO.2003.93.4.493
- Lyzhin A.S., Savel'eva N.N. Marker-assisted screening of scab resistant (*Rvi6+Rvi4*) apple genotypes. *Fruit growing and viticulture of South Russia*. 2021;67:1-9. [in Russian] (Лыжин А.С., Савельева Н.Н. Маркер-опосредованный скрининг иммунных к парше (*Rvi6+Rvi4*) генотипов яблони. *Плодоводство и виноградарство Юга России*. 2021;67:1-9). DOI: 10.30679/2219-5335-2021-1-67-1-9
- Omasheva M.Y., Pozharskiy A.S., Maulenbay A.D., Ryabushkina N.A., Galiakparov N.N. SSR genotyping of Kazakhstani apple varieties: identification of alleles associated with resistance to highly destructive pathogens. *Eurasian Journal of Applied Biotechnology*. 2016;2:46-58. DOI: 10.11134/btp.2.2016.4
- Patocchi A., Bigler B., Koller B., Kellerhals M., Gessler C. *Vr2*: a new apple scab resistance gene. *Theoretical and Applied Genetics*. 2004;109:1087-1092. DOI: 10.1007/s00122-004-1723-8
- Patocchi A., Frei A., Frey J.E. Towards improvement of marker assisted selection of apple scab resistant cultivars: *Venturia inaequalis* virulence surveys and standardization of molecular marker alleles associated with resistance genes. *Molecular Breeding*. 2009;24:337. DOI: 10.1007/s11032-009-9295-6
- Patocchi A., Walser M., Tartarini S., Broggin G.A., Gennari F., Sansavini S., Gessler C. Identification by genome scanning approach (GSA) of a microsatellite tightly associated with the apple scab resistance gene *Vm*. *Genome*. 2005;48(4):630-636. DOI: 10.1139/g05-036
- Podwyszynska M.P., Markiewicz M., Broniarek-Niemiec A., Matysiak B., Marasek-Ciolakowska A. Apple autotetraploids with enhanced resistance to apple scab (*Venturia inaequalis*) due to genome duplication-phenotypic and genetic evaluation. *International Journal of Molecular Sciences*. 2021;22(2):527. DOI: 10.3390/ijms22020527
- Sedov E.N., Ogoltsova T.P. (eds) Program and methodology for studying cultivars of fruit, berry and nut crops (Programma i metodika sortozucheniya plodovykh, yagodnykh i orekhoplodnykh kul'tur). Orel: VNIISPK; 1999. [in Russian] (Программа и методика сортоизучения плодовых, ягодных и орехоплодных культур/ под общ. ред. Е.Н. Седова, Т.П. Огольцовой. Орел: ВНИИСПК; 1999).
- Shamshin I.N., Maslova M.V., Drenova N.V., Dubrovsky M.L., Parusova O.V. Assessment of fire blight resistance in apple clonal rootstocks using molecular markers. *Proceedings on applied botany, genetics and breeding*. 2020;181(4):185-191. [in Russian] (Шамшин И.Н., Маслова М.В., Дренова Н.В., Дубровский М.Л., Парусова О.В. Оценка устойчивости клоновых подвоев яблони к бактериальному ожогу с использованием молекулярных маркеров. *Труды по прикладной ботанике, генетике и селекции*. 2020;181(4):185-191). DOI: 10.30901/2227-8834-2020-4-185-191
- Shamshin I.N., Savel'ev N.I., Kudryavtsev A.M. Application of molecular markers for identification of apple genotypes with scab resistance gene (Primeneniye molekulyarnykh markerov dlya identifikatsii genotipov yabloni s genom ustoychivosti k parshe). *Pomiculture and small fruits culture in Russia*. 2011;26:126-129. [in Russian] (Шамшин И.Н., Савельев Н.И., Кудрявцев А.М. Применение молекулярных маркеров для идентификации генотипов яблони с геном устойчивости к парше. *Плодоводство и ягодоводство России*. 2011;26:126-129).
- Sheikh M.A., Mushtaq K., Mir J.I., Amin M., Nabi S.U. Introgression of scab resistance gene *Vf* (*Rvi6*) in commercially grown susceptible cultivar Fuji Azitec of apple (*Malus domestica*) using marker assisted selection. *Research Journal of Biotechnology*. 2020;15(9):50-56.
- Slepneva T.N., Shlyavas A.V. Porfiry Afanasyevich Dibrova: at the origins of scientific pomiculture in the Urals. *Proceedings on applied botany, genetics and breeding*. 2021;182(2):163-172. [in Russian] (Слепнева Т.Н., Шлявас А.В. Порфирий Афанасьевич Диброва – у истоков научного плодоводства Урала. *Труды по прикладной ботанике, генетике и селекции*. 2021;182(2):163-172). DOI: 10.30901/2227-8834-2021-2-163-172
- Suprun I.I., Egorov E.A., Nasonov A.I., Lobodina E.V., Tokmakov S.V., Stepanov I.V. Marker-assisted selection in the development of advanced apple-tree forms and donors combining scab resistance with increased fruit storability. *Proceedings on applied botany, genetics and breeding*. 2023;184(3):135-145. [in Russian] (Супрун И.И., Егоров Е.А., Насонов А.И., Лободина Е.В., Токмаков С.В., Степанов И.В. Маркер-опосредованный отбор в создании селекционных образцов и комплексных доноров яблони с устойчивостью к парше и повышенным потенциалом лежкоспособности плодов. *Труды по прикладной ботанике, генетике и селекции*. 2023;184(3):135-145). DOI: 10.30901/2227-8834-2023-3-135-145
- Suprun I.I., Tokmakov S.V., Lobodina E.V. Assessment of prospects for the improvement of the *VfCl* DNA marker for the *Vf*



- gene of scab resistance in apple (Otsenka perspektivnosti usovershenstvovaniya DNK-markera VfC1 gena ustoychivosti yabloni k parshe Vf). *Nauchnyye trudy Severo-Kavkazskogo federalnogo nauchnogo tsentra sadovodstva, vinogradarstva, vinodeliya* = *Scientific works of the North-Caucasian Scientific Center of Horticulture, Viticulture and Wine-making*. 2016;9:47-51. [in Russian] (Супрун И.И., Токмаков С.В., Лободина Е.В. Оценка перспективности усовершенствования ДНК-маркера VfC1 гена устойчивости яблони к парше Vf. *Научные труды Северо-Кавказского федерального научного центра садоводства, виноградарства, виноделия*. 2016;9:47-51).
- Telezhinskiy D.D., Shlyavas A.V. Morphobiological features and agronomic advantages of the new apple cultivar 'Rozochka'. *Agricultural Science Euro-North-East*. 2025;26(1):82-89. [in Russian] (Тележинский Д.Д., Шлявас А.В. Морфобиологические особенности и агрономические достоинства нового сорта яблони Розочка. *Аграрная наука Евро-Северо-Востока*. 2025;26(1):82-89). DOI: 10.30766/2072-9081.2025.26.1.82-89
- Telezhinskiy D.D., Kotov L.A., Makarenko S.A., Tarasova G.N. Sverdlovchanin: a new apple cultivar for the Middle Urals. *Proceedings on applied botany, genetics and breeding*. 2020;181(1):93-96. [in Russian] (Тележинский Д.Д., Котов Л.А., Макаренко С.А., Тарасова Г.Н. Свердловчанин – новый сорт яблони для Среднего Урала. *Труды по прикладной ботанике, генетике и селекции*. 2020;181(1):93-96). DOI: 10.30901/2227-8834-2020-1-93-96
- Tóth M., Ficzek G, Király I., Honty K., Hevesi M. Evaluation of old Carpathian apple cultivars as genetic resources of resistance to fire blight (*Erwinia amylovora*). *Trees*. 2013;27:597-605. DOI: 10.1007/s00468-012-0814-4
- Ulyanovskaya E.V., Chernutskaya E.A., Bogdanovich T.V., Stepanov I.V. Marker selection for genes *Rvi6*, *Md-ACSI*, *Md-ACOI* promising for breeding of apple gene pool samples. *Agrarian Scientific Journal*. 2024;3:71-76. [in Russian] (Ульяновская Е.В., Чернуцкая Е.А., Богданович Т.В., Степанов И.В. Маркерный отбор по генам *Rvi6*, *Md-ACSI*, *Md-ACOI*, перспективным для селекции образцов генофонда яблони. *Аграрный научный журнал*. 2024;3:71-76). DOI: 10.28983/asj.y2024i3pp71-76
- Wöhner T.W., Flachowsky H., Richter K., Garcia-Libreros T., Trognitz F., Hanke M.-V., Peil A. QTL mapping of fire blight resistance in *Malus × robusta* 5 after inoculation with different strains of *Erwinia amylovora*. *Molecular breeding*. 2014;34(1):217-230. DOI: 10.1007/s11032-014-0031-5

### Информация об авторах

**Иван Николаевич Шамшин**, кандидат биологических наук, заведующий, лаборатория молекулярно-генетического анализа плодовых растений, Мичуринский государственный аграрный университет, 393760 Россия, Тамбовская область, г. Мичуринск, ул. Интернациональная, 101, ivan\_shamshin@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0002-4464-1876>

**Дмитрий Дмитриевич Тележинский**, старший научный сотрудник, Свердловская селекционная станция садоводства – структурное подразделение Уральского федерального аграрного научно-исследовательского центра Уральского отделения Российской академии наук, 620142 Россия, Екатеринбург, ул. Белинского, 112а, ddt77@list.ru, <https://orcid.org/0000-0002-4783-2029>

**Анна Владимировна Шлявас**, младший научный сотрудник, отдел генетических ресурсов плодовых культур, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова (ВИР), 190000 Россия, Санкт-Петербург, ул. Большая Морская, 42, 44, ann2668@yandex.ru, <http://orcid.org/0000-0002-8009-6780>

### Information about the authors

**Ivan N. Shamshin**, Cand. Sci. (Biology), Head of the Laboratory, Laboratory of Molecular Genetic Analysis of Fruit Plants, Michurinsk State Agrarian University, 101, Internatsionalnaya Street, Michurinsk, Tambov Region, 393760 Russia, ivan\_shamshin@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0002-4464-1876>

**Dmitry D. Telezhinskiy**, Senior Researcher, Sverdlovsk Horticultural Breeding Station, a structural subdivision of the Ural Federal Agricultural Research Centre, Ural Branch of the Russian Academy of Sciences, 112a, Belinsky Street, Yekaterinburg, 620142 Russia, ddt77@list.ru, <https://orcid.org/0000-0002-4783-2029>

**Anna V. Shlyavas**, Junior Researcher, Department of Fruit Crop Genetic Resources, N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources (VIR), 42, 44, Bolshaya Morskaya Street, St. Petersburg, 190000 Russia, ann2668@yandex.ru, <http://orcid.org/0000-0002-8009-6780>

**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 23.04.2025; одобрена после рецензирования 04.06.2025; принята к публикации 23.06.2025.

The article was submitted on 23.04.2025; approved after reviewing on 04.06.2025; accepted for publication on 23.06.2025.



## Развитие Комплексной стратегии регистрации сортового генофонда в генбанках – совершенствование методов генетической паспортизации и сортовой идентификации

Т. А. Гавриленко, И. Г. Чухина, О. Ю. Антонова, Ю. В. Ухатова, Е. К. Хлесткина

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

*Автор, ответственный за переписку:* Татьяна Андреевна Гавриленко, tatjana9972@yandex.ru

Генетическая паспортизация сортов важна для подтверждения подлинности сорта и контроля сортовой чистоты, предотвращения фальсификаций и, следовательно, для охраны селекционных достижений и защиты прав селекционеров, которые регулируются на международном и национальном уровнях. Одним из важных аспектов разработки генетических паспортов сортов является выбор, документирование и долгосрочное сохранение образцов, которые используются для выделения ДНК и генетической паспортизации. Новые подходы к решению этих вопросов для сортов вегетативно размножаемых культур сельскохозяйственных растений были предложены в 2020 году в ВИР в рамках Комплексной стратегии регистрации сортового генофонда в генбанках. Задачами этой стратегии являются: (а) оформление номенклатурных стандартов сортов в соответствии с рекомендациями Международного кодекса номенклатуры культурных растений (ICNCP) и передача их на хранение в Гербарий культурных растений мира, их диких родичей и сорных растений (WIR); (б) разработка генетических паспортов номенклатурных стандартов; (в) сохранение в живом виде образцов генетически идентичных номенклатурным стандартам в дублетных *in vitro* и в крио-коллекциях. Обобщены результаты решения этих трех задач для отечественных сортов картофеля и обозначены перспективы их применения. Параллельно специалисты ВИР вместе с селекционерами из различных регионов страны проводят масштабную работу по созданию фонда номенклатурных стандартов сортов различных сельскохозяйственных культур – представителей семейств пасленовых, розоцветных, злаковых, бобовых, крыжовниковых, крестоцветных. Этот фонд включает 308 номенклатурных стандартов, оформленных в соответствии с требованиями ICNCP, которые хранятся в Гербарии ВИР. Номенклатурные стандарты приоритетны для генетической паспортизации сортов разных культур.

**Ключевые слова:** сорт, генетический паспорт, номенклатурные стандарты, ДНК-маркеры, гербарий, коллекции

**Благодарности:** обзор подготовлен в рамках государственного задания согласно тематическому плану ВИР по теме: № FGEM-2022-0004

**Для цитирования:** Гавриленко Т.А., Чухина И.Г., Антонова О.Ю., Ухатова Ю.В., Хлесткина Е.К. Развитие Комплексной стратегии регистрации сортового генофонда в генбанках – совершенствование методов генетической паспортизации и сортовой идентификации. *Биотехнология и селекция растений*. 2025;8(2):48-62. DOI: 10.30901/2658-6266-2025-2-06

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.

© Гавриленко Т.А., Чухина И.Г., Антонова О.Ю., Ухатова Ю.В., Хлесткина Е.К., 2025

---

Review article

DOI: 10.30901/2658-6266-2025-2-06

## Development of an Integrated strategy for cultivar gene pool registration in Genebanks – improving methods of genetic profiling and cultivar identification

Tatiana A. Gavrilenko, Irena G. Chukhina, Olga Yu. Antonova, Yulia V. Ukhatova, Elena K. Khlestkina

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

**Corresponding author:** Tatjana A. Gavrilenko, tatjana9972@yandex.ru

Genetic profiling of cultivars is important for confirming the authenticity of a cultivar and monitoring cultivar purity, preventing counterfeiting and, consequently, for protecting breeding achievements and protecting the rights of breeders, which are regulated at the international and national levels. An important aspect of developing genetic passports for cultivars is the choice, documentation and long-term preservation of the specimens used for DNA extraction. A new approach to solving these issues for vegetatively propagated agricultural crops was proposed at VIR in 2020 as part of the Integrated strategy for cultivar gene pool registration in Genebanks. The objectives of this strategy are: (a) registration of nomenclature standards for cultivars in accordance with the recommendations of the International Code of Nomenclature for Cultivated Plants (ICNCP) and transfer them for storage to the Herbarium of Cultivated Plants of the World, their Wild Relatives and Weeds (WIR); (b) development of genetic passports, molecular profiling of nomenclature standards; (c) preservation of live specimens genetically identical to nomenclature standards in duplicate *in vitro* and cryo-collections. The results of solving these three tasks for domestic potato cultivars are summarized and the prospects for their application are outlined. At the same time, VIR researchers, together with breeders from various regions of the Russian Federation, are carrying out large-scale work to create a collection of nomenclature standards for cultivars of various agricultural crops belonging to the families Solanaceae, Rosaceae, Poaceae, Fabaceae, Grossulariaceae and Brassicaceae. This collection includes 308 nomenclature standards, designed in accordance with the requirements of ICNCP, which are stored in the VIR Herbarium of Cultivated Plants of the World, their Wild Relatives and Weeds (WIR). Nomenclature standards are a priority for molecular profiling of cultivars of various crops.

**Keywords:** cultivar, genetic passport, nomenclature standards, DNA markers, herbarium, collections

---

**Acknowledgements:** the review was prepared within the framework of the State Assignment according to the Theme Plan of VIR, topic No. FGEM-2022-0004.

**For citation:** Gavrilenko T.A., Chukhina I.G., Antonova O.Yu., Ukhatova Yu.V., Khlestkina E.K. Development of Integrated strategy for registration of cultivar gene pools in Genebanks – improving methods of genetic profiling and cultivar identification. *Plant Biotechnology and Breeding*. 2025;8(2):48-62. (In Russ.). DOI: 10.30901/2658-6266-2025-2-06

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.

---

© Gavrilenko T.A., Chukhina I.G., Antonova O.Yu., Ukhatova Yu.V., Khlestkina E.K., 2025

## Введение

В середине прошлого века была опубликована первая версия Международного кодекса номенклатуры культурных растений (МКНКР) (International Code of Nomenclature for Cultivated Plants – ICNCP (Stearn, 1953), в которой формулировались принципы классификации культурных растений. Немного позднее, в 1961 году, была подписана «Международная конвенция по охране новых сортов растений», в которой обосновывались принципы предоставления селекционерам прав интеллектуальной собственности на новые сорта растений и защиты прав селекционеров (International Convention..., 1991; 1997). Новый сорт, созданный в результате интеллектуальной деятельности селекционеров, отвечающий требованиям охраноспособности, рассматривается как селекционное достижение.

Эти основополагающие принципы стимулировали дальнейшее развитие исследований по систематизации и документированию генофонда культурных растений, а также идентификации и паспортизации сортов с использованием не только традиционных, но и новых для того периода методов. Так, в середине 1960-х годов под руководством В.Г. Конарева в ВИР начались исследования по разработке методик молекулярного маркирования и паспортизации сортов различных сельскохозяйственных культур по спектрам запасных белков семян (Konarev, 1983; Konarev, Gavriljuk, 1988; Gubareva et al., 2015). С развитием новых технологий молекулярной идентификации сортов, генетические паспорта стали создаваться на основе использования различных ДНК-маркеров (подробнее см. в обзоре Khlestkina et al., 2025 в этом выпуске).

В существующих в настоящее время подходах к сортовой идентификации и документированию подлинности сорта можно выделить три основных направления:

(1) фиксирование приоритетного названия сорта через назначение номенклатурного стандарта в соответствии с положениями МКНКР; предпочтительно, чтобы номенклатурный стандарт был представлен гербарным образцом (Brickell et al., 2016);

(2) идентификация сорта по фенотипу на основе характерных внешних признаков, выявленных в результате сортоиспытаний на отличимость, однородность, стабильность (ООС), согласно регламентам, разработанным и регулируемым на международном (UPOV, 2025) и национальном (State Commission..., 2025) уровнях;

(3) идентификация сорта по генотипу на основе информации, зафиксированной в его молекулярно-генетическом паспорте.

На основании обобщения этих данных в ВИР была разработана оригинальная «Комплексная стратегия регистрации сортового генофонда в генбанках» (далее по тексту – «Комплексная стратегия»), в рамках которой впервые было предложено создавать генетический паспорт сорта на основе ДНК-препарата его номенклатурного

стандарта (Gavrilenko, Chukhina, 2020). Таким образом, авторы «Комплексной стратегии» расширили представление о значимости номенклатурного стандарта, дополнив исходное значение – физический носитель, позволяющий закрепить наименование сорта и засвидетельствовать его внешний вид – новым, согласно которому номенклатурный стандарт рассматривается и в качестве материального носителя генетической информации, документирующей подлинность сорта, которая зафиксирована в его генетическом паспорте. Важно отметить, что растительный материал для оформления номенклатурного стандарта и разработки генетического паспорта собирает автор сорта и передает его в ВИР вместе с официальными документами – формой RTG/0023/2 «Оценка отличимости, однородности и стабильности» и др. Задачи «Комплексной стратегии» решаются сотрудниками ВИР в совместных исследованиях с ведущими селекционными центрами с использованием ботанических, молекулярно-генетических и селекционных методов. К настоящему времени ряд задач этой стратегии реализован для более чем 90 сортов картофеля российской селекции.

Параллельно сотрудники ВИР вместе с селекционерами из различных учреждений страны оформляют номенклатурные стандарты для широкого круга сельскохозяйственных культур, создавая фонд номенклатурных стандартов отечественных сортов, сохраняемый в гербарии ВИР, который имеет большой потенциал для будущих исследований. В настоящее время гербарные образцы все чаще вовлекают в молекулярно-генетический анализ (Besnard et al., 2018; Fomina et al., 2019), а последнее десятилетие ознаменовалось возникновением нового направления – гербарной геномики (Bakker et al., 2020). Номенклатурные стандарты сортов, оформленные в виде гербарных образцов в соответствии с рекомендациями МКНКР, приоритетны для разработки генетических паспортов сортов, которые имеют первостепенное значение для подтверждения подлинности сорта, контроля сортовой чистоты и предотвращения фальсификаций и, следовательно, для охраны селекционных достижений и защиты прав селекционеров, что регулируется на международном и национальном уровнях.

## К вопросу об охране селекционных достижений – регулирование на международном уровне

На международном уровне охрану селекционных достижений, защиту интересов и прав селекционеров регламентирует Международная конвенция по охране новых сортов растений, подписанная в 1961 году в Париже (International Convention..., 1961), актуальная версия которой была принята в 1991 году (далее – Конвенция UPOV) (International Convention..., 1991); на русском языке (International Convention..., 1997). Конвенцией 1961 года была учреждена международная межправительственная организация – Международный союз по охране новых сортов растений (франц. – Union Internationale

pour la Protection des Obtentions Végétales, далее – UPOV), в функции которого входит разработка, совершенствование и продвижение эффективной системы охраны селекционных достижений. Членами UPOV являются 80 государств, включая Российскую Федерацию. Членство в этой организации предоставляет национальным селекционерам возможность получать защиту их прав на селекционное достижение на территории других государств-членов UPOV (UPOV, 2025).

Согласно Конвенции UPOV, селекционное достижение может приобрести правовую охрану, если новый сорт удовлетворяет критериям новизны, отличимости от любого другого общеизвестного сорта, однородности с учетом типа его размножения и стабильности (Конвенция UPOV, Глава III). Критерии отличимости, однородности, стабильности (ООС) являются основополагающими в понимании термина «селекционное достижение». UPOV занимается разработкой принципов, методик и рекомендаций проведения испытаний на ООС сортов и гибридов сельскохозяйственных растений, под которыми понимают комплекс мероприятий, осуществляемых по соответствующим для каждой культуры методикам с целью оценки конкретных количественных и качественных морфологических признаков новых сортов с учетом диапазона их выраженности (General Introduction..., 2002). Таким образом, сорт определяется по фенотипу – конкретным морфологическим признакам, фиксируемым при проведении испытаний на ООС. В перечень признаков, включенных в методики испытаний, помимо морфологических, входят и «особые признаки», отражающие реакцию сорта на внешние факторы, например, признаки устойчивости к болезням, и «признаки, основанные на химическом составе».

В документах, опубликованных UPOV более 20 лет назад, отмечена возможность привлечения в испытания на ООС «новых типов признаков», включая молекулярные (General Introduction..., 2002). Позднее, в 2010 году, UPOV обобщил критерии отбора молекулярных маркеров для идентификации сортов (англ. variety profiling), включавшие наличие информации о локализации маркеров в геноме и информативность изучаемых локусов, применение ПЦР-маркеров без «нулевых аллелей» – отсутствие ПЦР-продукта – однозначность результатов идентификации аллелей изучаемых локусов и воспроизводимость получаемых результатов. Дополнительные рекомендации включали выбор ДНК-маркеров, локализованных как в кодирующих, так и в некодирующих участках генома; предпочтительное использование кодоминантных маркеров; и, по возможности, разработку мультиплексных наборов. Среди различных типов ДНК-маркеров в каче-

стве приоритетных для сортовой идентификации были отмечены микросателлитные маркеры (SSR), отвечающие перечисленным выше критериям и рекомендациям. Одновременно в указаниях UPOV были обозначены перспективы дальнейшего развития технологий молекулярного профилирования, основанных на методах анализа однонуклеотидного полиморфизма (SNP) (Guideline for DNA-Profiling..., 2010).

Последнее десятилетие большое внимание уделялось вопросам подтверждения надежности используемых методик молекулярного анализа и их «гармонизации», для чего необходимо создавать выборки референсных сортов с известным аллельным составом референсных локусов (англ. «reference varieties/DNA sample/alleles»), с помощью которых можно сопоставлять результаты, получаемые в разных лабораториях, использующих различное оборудование, материалы и реактивы. В материалах UPOV отмечается, что при валидации методик выбор числа маркеров и размеров тестируемых выборок должен основываться на разумном балансе временных затрат, трудозатрат и стоимости молекулярного анализа (Guideline for DNA-Profiling..., 2010; Possible Use..., 2011; Test Guidelines..., 2011; Review of document..., 2020).

На официальном сайте UPOV публикуются материалы разных рабочих групп, дополняющие и уточняющие методики испытаний на ООС сортов и гибридов различных сельскохозяйственных культур (Meetings, 2025), в том числе и материалы совещаний рабочей группы по биохимическим, молекулярным методам и ДНК-профилированию (Working Group on Biochemical and Molecular Techniques and DNA-Profiling – BMT). В последние годы все большее внимание уделяется вопросам конфиденциальности, праву собственности и доступа к получаемой молекулярной информации<sup>1</sup> и прежде всего к создаваемым базам данных (Confidentiality, ownership..., 2021). Наиболее актуальным и востребованным направлением становится интеграция результатов изучения генотипа – молекулярных баз данных – и фенотипа – данных описаний морфологических и хозяйственно-ценных признаков сорта, что позволит кардинально повысить эффективность проведения экспертиз на ООС (Meetings, 2025).

### **К вопросу об охране селекционных достижений – регулирование на национальном уровне**

В 1993 году в Российской Федерации был принят Закон № 5605-1 от 06.08.1993 «О селекционных достижениях» (утратил силу), который до 1 января 2008 года регулировал отношения, возникавшие в связи с созданием, правовой охраной и использованием селек-

<sup>1</sup> **Молекулярная информация:** информация обо всех предоставленных молекулярных данных, включая, помимо прочего, информацию о секвенированных последовательностях и SNP-маркерах, данные о генетических расстояниях и результатах сравнения с референсными сортами, расстояния GAIA и профили молекулярных маркеров/ **Molecular information:** information about all provided molecular data, including, but not limited to, sequence information, SNP marker data, genetic distances and comparisons to reference varieties, GAIA distances, and molecular marker profiles (Confidentiality, ownership..., 2021)

ционных достижений. В этих вопросах национальное законодательство нашей страны было основано на принципах и положениях, установленных Конвенцией (в редакции 1991 года) и UPOV, к которому Российская Федерация присоединилась в 1998 году (Resolution of the Government..., 2003). Как и Конвенция UPOV, в Законе № 5605-1 к критериям охраноспособности сорта были отнесены: новизна, отличимость, однородность, стабильность. Согласно этому закону в Российской Федерации селекционные достижения стали защищать патентами, которые с этих пор могли быть выданы физическому лицу – автору сорта. До этого в течение ~60 лет на вновь созданные сорта выдавали только авторские свидетельства (Sinelnikova, 2016; 2017).

В Российской Федерации испытания селекционных достижений на ООС проводит ФГБУ «Госсорткомиссия», которая, основываясь на документах UPOV, к 2025 году разработала и утвердила регламенты и методики проведения экспертиз сортов на отличимость, однородность, стабильность более чем по 200 родам, видам и разновидностям растений (State Commission..., 2025).

В настоящее время в нашей стране испытания на ООС новых сортов и гибридов проводятся на основе изучения фенотипа – комплекса морфологических признаков с учетом степени их выраженности, а также комплекса хозяйственно полезных признаков. Положительные результаты испытаний являются основанием для принятия решения о включении нового сорта в Государственный реестр (далее – Госсортреестр), после чего ему присваивается уникальный регистрационный номер. Госсорткомиссия ведет два реестра: (а) охраняемых селекционных достижений, определяет правовую охрану, и (б) селекционных достижений, допущенных к использованию (State Commission..., 2025). Опираясь на перечень отличительных признаков, установленных по результатам экспертиз на ООС, в дальнейшем подтверждается сортовая принадлежность растений, контролируются сортовая чистота и засоренность посевов.

В последние годы в Российской Федерации активно развивается нормативная правовая база в сфере использования генетических технологий (On the development..., 2018), в том числе и для применения их в селекции и сельском хозяйстве, а также поддерживается научная деятельность в этой сфере в рамках Федеральной научно-технической программы (ФНТП) развития генетических технологий на 2019-2030 годы (On approval of the Federal..., 2019). В 2021 году была законодательно поставлена задача генетической паспортизации сельскохозяйственных культур растений (On seed production, 2021), а через два года в соответствии с данным законом утверждена форма генетического паспорта (On approval of the form..., 2023).

В главе 73 Гражданского Кодекса Российской Федерации (The Civil Code of the Russian Federation, 2025) зафиксировано право на селекционные достижения, которые следует понимать как сорта растений, выведенные

в результате творческого труда селекционера, обладающие специфичными генетическими признаками, соответствующие критериям охраноспособности и внесенные в Государственный реестр охраняемых селекционных достижений. В.Н. Синельникова (Sinelnikova, 2016) отмечает, что селекционное достижение, являющееся результатом интеллектуальной деятельности (РИД) селекционеров, вне материальных носителей не существует, в отличие от других РИД, например, авторских произведений и изобретений. Между тем, вопросы выбора, документирования и сохранения материального носителя, подтверждающего подлинность селекционного достижения, до последнего времени активно не обсуждались.

### **Международный кодекс номенклатуры культурных растений (МКНКР) – точность и стабильность наименований сортов**

Традиционным идентификатором сорта является его название. Наиболее полно вопросы выбора и фиксации правильного названия сорта излагаются в Международном кодексе номенклатуры культурных растений (МКНКР).

Для правильного наименования культурных растений следует руководствоваться двумя кодексами. Требования к правильным названиям надвидовых, видовых и внутривидовых таксонов закреплены в Международном кодексе номенклатуры водорослей, грибов и растений (Turland et al., 2018). Правила и рекомендации, используемые при работе с названиями сортов, представлены в Международном кодексе номенклатуры культурных растений (далее МКНКР), первая версия которого была опубликована в 1953 году, а актуальная – в 2016 году (Brickell et al., 2016). Перевод МКНКР на русский язык был подготовлен в ВИР и опубликован в журнале *Vavilovia* (International Code..., 2022). За семидесятилетнюю историю развития данного кодекса сформировались понятийный аппарат и требования к номенклатуре культурных растений, благодаря чему МКНКР выполняет функции основополагающего руководства для устранения путаницы, наведения порядка и единообразия в наименованиях новых сортов и в употреблении принятых сортовых названий (Chukhina, Miftakhova, 2022).

Согласно МКНКР «сорт» – это совокупность растений, отобранная по определённому признаку или комбинации признаков, которая чётко отличается, однородна и стабильна по этим признакам и которая при размножении соответствующими способами сохраняет эти признаки (МКНКР, ст. 2.3). Таким образом, критерии отличимости, однородности, стабильности (ООС) являются ключевыми для понимания термина «сорт» в МКНКР.

Большинство статей МКНКР посвящено правилам и рекомендациям по созданию названий сортов, их обнародованию и утверждению, следуя которым соблюдаются единообразие, точность и стабильность в наименовании сортов культурных растений. В соответствии с МКНКР,

одним из важных принципов для фиксации правильного названия сорта является назначение номенклатурного стандарта, в качестве которого рекомендуется отдавать предпочтение гербарным образцам, дополненным фотографиями отличительных признаков сортового растения (Brickell et al., 2016; International Code..., 2022). Номенклатурные стандарты передаются на хранение в научные гербарии и становятся, таким образом, материальными носителями задокументированных сортовых морфологических признаков растения.

### Развитие Комплексной стратегии регистрации сортового генофонда в генбанках на примере сортов картофеля российской селекции

Основное внимание в исследованиях по генетической паспортизации уделяется совершенствованию наборов ДНК-маркеров и валидации методик молекулярного профилирования. До последнего времени из активного обсуждения выпадали вопросы выбора, документирования и сохранения образца, который используется для выделения ДНК, и проведения генетической паспортизации. Актуальность вопроса долгосрочного сохранения материального носителя подлинности генетической информации о сорте имеет особое значение поскольку живые образцы могут подвергаться генетической эрозии (Fu, 2024) или могут быть утеряны из *ex situ* коллекций.

На решение этих вопросов направлена «Комплексная стратегия», разработанная для сортов вегетативно размножаемых культур на примере картофеля (Gavrilenko, Chukhina, 2020); позднее протоколы ее реализации были модифицированы и для нескольких ягодных культур (Gavrilenko et al., 2022). Оригинальность этой стратегии обусловлена тем, что сорт документируют с помощью номенклатурного стандарта и генетического паспорта, созданных с использованием одного и того же растительного материала. Согласно разработанному протоколу, растительный материал, собранный с индивидуального растения авторами сортов<sup>2</sup>, передается в ВИР и используется для решения трех задач: (1) выделения ДНК и проведения молекулярно-генетической паспортизации, (2) гербаризации и оформления номенклатурного стандарта сорта, (3) отбора пазушных почек в клоновом материале и введения их в *in vitro* культуру для последующего сохранения образца в живом виде в *in vitro* и в крио-коллекциях (Gavrilenko, Chukhina, 2020).

Все три направления «Комплексной стратегии» были реализованы для сортов картофеля российской селекции в совместных исследованиях сотрудников ВИР и селекционеров – авторов сортов, которые собирали растительный материал непосредственно на полях своих селек-

центров, расположенных в шести регионах России: Северо-Западном федеральном округе (ФО), Центральном ФО, Приволжском ФО, Уральском ФО, Сибирском ФО и Дальневосточном ФО (Приложение/ Supplement<sup>3</sup>). Кратко суммируем полученные результаты.

(1) В настоящее время в типовом фонде гербария ВИР хранятся 93 номенклатурных стандарта сортов картофеля, оформленных согласно положениям МКНКР и обнародованных в серии тематических публикаций в журнале «Биотехнология и селекция растений» (см. Приложение/ see the Supplement). Изображения отсканированных номенклатурных стандартов были опубликованы вместе с генетическими паспортами, разработанными с использованием препаратов ДНК, выделенной перед гербаризацией растительного материала, переданного в гербарий ВИР селекционерами-авторами сортов картофеля (Fomina et al., 2020a; 2020b; Klimenko et al., 2020; Oskina et al., 2023; Rybakov et al., 2020; 2022; 2024).

(2) Для молекулярно-генетической паспортизации из литературы были отобраны восемь маркеров высокополиморфных хромосомспецифичных микросателлитных локусов, все восемь локусов с три-нуклеотидными мотивами, а также предложен модифицированный протокол выделения ДНК и анализа полиморфизма в SSR-локусах методом гель-электрофореза (Antonova et al., 2020). Шесть из этих восьми SSR-маркеров входят в PGI набор (Potato Genetic Identification kit) (Ghislain et al., 2009), который широко используется для генотипирования сортов картофеля, выведенных в разных странах (Antonova et al., 2016; Ghebresslassie et al., 2016; Kolobova et al., 2017; Bali et al., 2018; Lee et al., 2021; Bhardwaj et al., 2023).

Уровень полиморфизма, детектированный с помощью отобранных восьми SSR-маркеров, позволил однозначно идентифицировать более 100 российских сортов картофеля. Информация об аллельном составе SSR-локусов является основой генетических паспортов номенклатурных стандартов (рисунок). Те же самые препараты ДНК использовали и в молекулярном скрининге с другими типами ДНК-маркеров. Так, с помощью набора из шести CAPS- и SCAR-маркеров, специфичных для различных локусов оргanelльных ДНК (Hosaka, Sanetomo, 2012) были определены «типы цитоплазм» сортов, что позволило верифицировать информацию об их родословных (Rybakov et al., 2022). Кроме того, по рекомендации селекционеров генетические паспорта были дополнены данными о наличии/отсутствии 15 маркеров 10 генов, вовлеченных в контроль устойчивости растений к различным вредным организмам (см. рисунок) (Fomina et al., 2020a; 2020b; Klimenko et al., 2020; Oskina et al., 2023; Rybakov et al., 2020; 2022; 2024).

<sup>2</sup> Если автор сорта недоступен, то сбор и передачу в ВИР растительного материала осуществляет эксперт по данной культуре – официальный представитель селекцентра, в котором был выведен сорт/ In case the cultivar's author is unavailable, the collection and transfer of plant material to VIR is carried out by an expert on the given crop – an official representative of the breeding center where the variety was developed

<sup>3</sup> Приложение доступно в онлайн версии статьи/ The supplement is available in the online version of the paper: DOI: 10.30901/2658-6266-2025-8-06





Наряду с результатами молекулярно-генетического анализа, паспорта включают информацию об учреждении, где был создан сорт; о годе внесения сорта в Госсортиреестр и «Коде сорта в Госсортиреестре»; номере патента; данные об авторах сорта и методе выведения, полученные из официальных документов («Авторских свидетельств», «Анкет сортов», «Описаний селекционных достижений»), а также из «Государственного реестра селекционных достижений, допущенных к использованию» (State Register..., 2020). Генетические паспорта 93 сортов картофеля были опубликованы в серии статей в журнале «Биотехнология и селекция растений» (Fomina et al., 2020a; 2020b; Klimenko et al., 2020; Oskina et al., 2023; Rybakov et al., 2020; 2022; 2024) (см. Приложение/ see the Supplement).

Важным аспектом «Комплексной стратегии» является возможность сохранения в живом виде в контролируемых условиях генбанка образцов сортов генетически идентичных номенклатурным стандартам. К концу 2025 года в криобанк ВИР на долгосрочное хранение заложены 65 образцов генотипированных сортов картофеля в виде криоконсервированных апексов *in vitro* растений (Efremova et al., 2020; 2023; Oskina et al., 2023, др.). Их SSR-профили соответствовали данным генетических паспортов номенклатурных стандартов (Klimenko et al., 2020; Fomina et al., 2020b; Oskina et al., 2023; Rybakov et al., 2024).

### **Генетические паспорта номенклатурных стандартов – результаты и перспективы использования**

Данные генетических паспортов могут быть использованы для повышения эффективности менеджмента биоресурсных коллекций – генетической дифференциации сортов с близкими морфологическими признаками, выявления дублетов, технических ошибок, а также в контроле подлинности образцов конкретного сорта, сохраняемых в разных коллекциях (Gavrilenko, Chukhina, 2020). Часть из этих направлений была реализована. Так, например, информация о SSR-профиле номенклатурных стандартов помогла проверить подлинность образцов одного и того же сорта, присланных в ВИР из разных организаций, и в отдельных случаях выявить технические ошибки (Fomina et al., 2020a; 2020b; Klimenko et al., 2020; Rybakov et al., 2020).

Информация об аллельном составе восьми микросателлитных локусов номенклатурных стандартов российских сортов картофеля была зафиксирована в базе данных; заявка на получение свидетельства о государственной регистрации этой базы была подана в июне 2025 года (Gavrilenko et al., 2025).

С использованием ДНК-препаратов генотипированных образцов сортов из *in vitro* коллекции ВИР (идентичность микросателлитных профилей которых номенклатурным стандартам была подтверждена с помощью

SSR-анализа) в ФИЦ картофеля им. А.Г. Лорха разрабатывается ГОСТ Р «Картофель семенной. Определение сортовой идентичности на основе молекулярно-генетического анализа полиморфизма микросателлитных локусов методом капиллярного электрофореза». В настоящее время сотрудники ФИЦ картофеля им. А.Г. Лорха, ВИР, ИОГен РАН и ООО НПФ «Синтол», принимающие участие в подготовке проекта ГОСТ, на разном оборудовании в своих организациях проводят валидацию методик SSR-анализа. В перспективе, информация генетических паспортов (данные об их микросателлитных профилях) может повысить эффективность контроля качества различных категорий и партий семенного картофеля.

Номенклатурные стандарты сортов и информация, зафиксированная в их генетических паспортах, востребованы не только в прикладных, но и в фундаментальных исследованиях. Так, например, препараты ДНК номенклатурных стандартов, сохраняемые в ВИР, были предоставлены по запросу Института генетики и цитологии СО РАН для решения задачи реконструкции пангенома российских сортов картофеля (Karetnikov et al., 2023) в рамках проекта № 075-15-2019-1662 Курчатковского геномного центра Института Цитологии и генетики СО РАН.

В настоящее время паспорта номенклатурных стандартов сортов картофеля разрабатываются на основе результатов фрагментного анализа с использованием наборов SSR-маркеров, подобранных по данным литературы; в скором времени могут быть разработаны новые наборы ДНК-маркеров для паспортизации на основе анализа больших объемов геномных и пангеномных данных.

Информация, хранящаяся в виде гербарного образца, не устаревает со временем, а с развитием новых технологий исследований гербаризированных растений – многократно возрастет. Так, например, в результате молекулярного маркирования старых гербарных образцов, собранных в XVIII-XIX веках, хранившихся не одно столетие в научных гербариях разных стран, была получена новая информация о происхождении европейских сортов картофеля (Ames, Spooner, 2008).

### **Фонд номенклатурных стандартов сортов отечественной селекции различных сельскохозяйственных культур, сохраняемых в гербарии ВИР**

Начиная с 2018 года в ВИР совместно с селекционерами ведется масштабная работа по созданию фонда номенклатурных стандартов сортов различных сельскохозяйственных культур, которые передаются на хранение в гербарий ВИР. Первые в России номенклатурные стандарты были оформлены в 2020 году для отечественных сортов картофеля (Fomina et al., 2020a; 2020b; Klimenko et al., 2020; Rybakov et al., 2020). К настоящему времени совместно с селекционерами из 26 учреждений, расположенных во всех федеральных округах РФ, оформ-

лены номенклатурные стандарты 308 сортов различных сельскохозяйственных культур. Гербарные образцы зарегистрированы в базе данных «Гербарий ВИР», каждому был присвоен индивидуальный гербарный номер с префиксом **WIR**-. Номенклатурные стандарты были обнародованы в совместных публикациях с селекционерами. В гербарии ВИР хранятся номенклатурные стандарты отечественных сортов 19 сельскохозяйственных культур: картофеля – 93 (Fomina et al., 2020a; 2020b; Klimenko et al., 2020; Oskina et al., 2023; Rybakov et al., 2020; 2022; 2024), плодовых и ягодных культур: яблони – 43 (Bagmet et al., 2021b; Bagmet, Shlyavas; 2021; Ulyanovskaya et al., 2023; Shlyavas et al., 2021), груши – 12 (Bagmet, Tarasova, 2023), мандаринов – 8 (Kulyan et al., 2023; Bagmet, Kulyan, 2024), актинидии – 9 (Bagmet, Tikhonova, 2024), черной смородины – 39 (Bagmet et al., 2021a, 2022; Tikhonova et al., 2021; Talovina et al., 2023), малины – 28 (Evdokimenko et al., 2023; Kamnev et al., 2021; 2022; 2024), земляники – 13 (Kharchenko et al., 2024; Nevostrueva, Bagmet, 2024), крыжовника – 13 (Bagmet, Kurashov, 2025; Bagmet, Chebotok, 2025), жимолости – 17 (Bagmet, Tikhonova, 2023); декоративных культур: ирисов – 5 (Alexeeva, Chukhina, 2024); овощных культур: овощной фасоли – 3 (Buravtseva et al., 2023), репы – 2 (Korniyukhin, Talovina, 2024), турнепса – 2 (Korniyukhin, Talovina, 2024), амаранта – 1 (Sokolova, Chukhina, 2024); технических культур: рапса – 1 (Varganova et al., 2024b), и зерновых культур: овса – 9 (Varganova et al., 2024a; Fomina et al., 2024; Isachkova et al., 2025), ячменя – 9 (Lebedeva et al., 2023a; 2023b; Ershova et al., 2023; Varganova et al., 2023), тритикале – 1 (Lim et al., 2024) (см. Приложение/ see the Supplement).

Образцы сортов нескольких садовых культур, использованных для создания номенклатурных стандартов, сохраняемых в гербарии ВИР, участвовали и в работах по генетической паспортизации. Опубликованы первые генетические паспорта номенклатурных стандартов отечественных сортов яблони – 6 сортов селекции Крымской опытно-селекционной станции ВИР (Bagmet et al., 2021b) и 7 сортов, выведенных в Северо-Кавказском ФНЦ садоводства, виноградарства и виноделия (Ulyanovskaya et al., 2023). Получены первые результаты SSR-генотипирования номенклатурных стандартов сортов малины селекции ФНЦ им. И.В. Мичурина (Kamnev et al., 2024).

Федеральный закон № 454-ФЗ от 30.12.2021 предписывает разработку генетического паспорта для новых сортов, представленных для проведения госсортоиспытаний. Для сортов, ранее зарегистрированных в Госсортире, такие рекомендации не даются. В организационном плане, для повышения эффективности генетической паспортизации перспективно организовать прямую передачу из Госсортиркомиссии в коллекцию ВИР образцов новых российских сортов, прошедших сортоиспытания, что будет соответствовать указанию ФЗ № 454-ФЗ (On seed production, 2021).

В отношении сортов, включенных в Госсортиррегистр

ранее, или старых сортов уже исключенных из реестра, которые составляют значительную часть биоресурсных коллекций, ВИР продолжит развивать «Комплексную стратегию» в сотрудничестве с авторами сортов из различных селекционных центров страны.

## Заключение

За последние пять лет специалисты ВИР совместно с селекционерами из разных регионов страны создали фонд номенклатурных стандартов 308 отечественных сортов различных сельскохозяйственных культур, который хранится в гербарии ВИР и имеет большой потенциал для будущих исследований. Треть этого фонда была создана в рамках развития «Комплексной стратегии регистрации сортового генофонда в генбанках» с параллельной разработкой генетических паспортов номенклатурных стандартов, что существенно повысило точность документирования и систематизации генофонда отечественных сортов.

Номенклатурные стандарты сортов, задокументированные с привлечением методов молекулярно-генетической паспортизации, а также образцы живых растений, сохраняемые в различных системах хранения (*in vitro*, крио- и полевые коллекции), приоритетны для дорогостоящих геномных исследований (например, востребованы в рамках ФНТП развития генетических технологий на 2019–2030 годы).

В методическом плане, как международный опыт исследований по молекулярному профилированию сортов, так и наш опыт сотрудничества с отечественными селекционными центрами, показывает, что наиболее важным и востребованным направлением исследований сегодня является валидация и стандартизация методик генетической паспортизации для различных культур сельскохозяйственных растений. Создание стандартизированных методик генетической паспортизации позволит свести к минимуму риски ошибок при поддержании биоресурсных коллекций, предоставит возможности для совершенствования экспертиз на ООС в системе сортоиспытания, а также расширит возможности использования генетических паспортов сортов в селекции, семеноводстве, семенном контроле. Полученный опыт показал, что развитие Комплексной стратегии регистрации сортового генофонда в генбанках является основой для совершенствования подходов, направленных на решение перечисленных выше задач прикладного характера.

## References/Литература

- Ames M., Spooner D.M. DNA from herbarium specimens settles a controversy about origins of the European potato. *American Journal of Botany*. 2008;95(2):252-257. DOI: 10.3732/ajb.95.2.252
- Alexeeva N.B., Chukhina I.G. Nomenclatural standards of iris cultivars bred at the Peter the Great Botanical Garden of the V.L. Komarov Botanical Institute of RAS. *Vavilovia*. 2024;7(1):3-9. [in Russian] (Алексеева Н.Б., Чухина И.Г. Номенклатурные стандарты

- сортов ирисов селекции Ботанического сада Петра Великого Ботанического института им. В.Л. Комарова РАН. *Vavilovia*. 2024;7(1):3-9). DOI: 10.30901/2658-3860-2024-1-03
- Antonova O.Yu., Klimenko N.S., Rybakov D.A., Fomina N.A., Zheltova V.V., Novikova L.Yu., Gavrilenko T.A. SSR analysis of modern Russian potato varieties using DNA samples of nomenclatural standards. *Plant Biotechnology and Breeding*. 2020;3(4):77-96. [in Russian] (Антонова О.Ю., Клименко Н.С., Рыбаков Д.А., Фомина Н.А., Желтова В.В., Новикова Л.Ю., Гавриленко Т.А. SSR-анализ современных российских сортов картофеля с использованием ДНК номенклатурных стандартов. *Биотехнология и селекция растений*. 2020;3(4):77-96). DOI: 10.30901/2658-6266-2020-4-02
- Antonova O.Y., Shvachko N.A., Novikova L.Y., Shuvalov O.Y., Kostina L.I., Klimenko N.S., Shuvalova A.R., Gavrilenko T.A. Genetic diversity of potato varieties bred in Russia and near-abroad countries based on polymorphism of SSR-loci and markers associated with resistance *R*-genes. *Vavilov Journal of Genetics and Breeding*. 2016;20(5):596-606. [in Russian] (Антонова О.Ю., Швачко Н.А., Новикова Л.Ю., Шувалов О.Ю., Костина Л.И., Клименко Н.С., Шувалова А.Р., Гавриленко Т.А. Генетическое разнообразие сортов картофеля российской селекции и стран ближнего зарубежья по данным полиморфизма SSR-локусов и маркеров *R*-генов устойчивости. Вавиловский журнал генетики и селекции. 2016;20(5):596-606). DOI: 10.18699/VJ16.181
- Bagmet L.V., Chebotok E.M. Nomenclatural standards of gooseberry cultivars bred by the South Ural Research Institute of Horticulture and Potato Growing. *Agricultural Science Euro-North-East*. 2025;26(2):262-273. [in Russian] (Багмет Л.В., Чеботок Е.М. Номенклатурные стандарты сортов крыжовника селекции Южно-Уральского НИИ садоводства и картофелеводства. *Аграрная наука Евро-Северо-Востока*. 2025;26(2):262-273). DOI: 10.30766/2072-9081.2025.26.2.262-273
- Bagmet L.V., Chebotok E.M., Shlyavas A.V. Nomenclatural standards of black currant cultivars bred by Sverdlovsk Horticultural Breeding Station. Part I. *Agricultural Science Euro-North-East*. 2021a;22(6):873-886. [in Russian] (Багмет Л.В., Чеботок Е.М., Шлявас А.В. Номенклатурные стандарты сортов черной смородины селекции Свердловской селекционной станции садоводства. Ч. I. *Аграрная наука Евро-Северо-Востока*. 2021a;22(6):873-886). DOI: 10.30766/2072-9081.2021.22.6.873-886
- Bagmet L.V., Chepinoga I.S., Trifonova A.A., Boris K.V., Shlyavas A.V. Nomenclature standards and DNA barcoding of apple varieties originated by VIR Crimean Experimental Breeding Station. *Horticulture and viticulture*. 2021b;(6):5-16. [in Russian] (Багмет Л.В., Чепинога И.С., Трифонова А.А., Борис К.В., Шлявас А.В. Номенклатурные стандарты и генетические паспорта сортов яблони селекции Крымской опытно-селекционной станции ВИР. *Садоводство и виноградарство*. 2021b;(6):5-16). DOI: 10.31676/0235-2591-2021-6-5-16
- Bagmet L.V., Chebotok E.M., Shlyavas A.V. Nomenclatural standards of black currant cultivars bred by Sverdlovsk Horticultural Breeding Station. Part II. *Agricultural Science Euro-North-East*. 2022;23(1):69-80. [in Russian] (Багмет Л.В., Чеботок Е.М., Шлявас А.В. Номенклатурные стандарты сортов черной смородины селекции Свердловской селекционной станции садоводства. Ч. II. *Аграрная наука Евро-Северо-Востока*. 2022;23(1):69-80). DOI: 10.30766/2072-9081.2022.23.1.69-80
- Bagmet L.V., Kulyan R.V. Mandarin cultivar's nomenclatural standards of breeding of Subtropical Scientific Centre of the Russian Academy of Sciences. *Letters to Vavilov Journal of Genetics and Breeding*. 2024;10(1):15-28. [in Russian] (Багмет Л.В., Кулян Р.В. Номенклатурные стандарты сортов мандарина селекции Субтропического научного центра РАН. *Письма в Вавиловский журнал генетики и селекции*. 2024;10(1):15-28). DOI: 10.18699/letvjgb-2024-10-3
- Bagmet L.V., Kurashev O.V. Nomenclatural standards of gooseberry cultivars developed at the Russian Research Institute of Fruit Crop Breeding. *Proceedings on applied botany, genetics and breeding*. 2025;186(2):160-170. [in Russian] (Багмет Л.В., Курашев О.В. Номенклатурные стандарты сортов крыжовника селекции Всероссийского научно-исследовательского института селекции плодовых культур. *Труды по прикладной ботанике, генетике и селекции*. 2025;186(2):160-170). DOI: 10.30901/2227-8834-2025-2-160-170
- Bagmet L.V., Shlyavas A.V. Nomenclatural standards of apple cultivars bred at the Pavlovsk Experiment Station of VIR. *Vavilovia*. 2021;4(1):3-24. [in Russian] (Багмет Л.В., Шлявас А.В. Номенклатурные стандарты сортов яблони селекции Павловской опытной станции ВИР. *Vavilovia*. 2021;4(1):3-24). DOI: 10.30901/2658-3860-2021-1-3-24
- Bagmet L.V., Tarasova G.N. Nomenclatural standards of pear varieties bred by Sverdlovsk Horticultural Breeding Station. *Agricultural Science Euro-North-East*. 2023;24(2):201-213. [in Russian] (Багмет Л.В., Тарасова Г.Н. Номенклатурные стандарты сортов груши селекции Свердловской селекционной станции садоводства. *Аграрная наука Евро-Северо-Востока*. 2023;24(2):201-213). DOI: 10.30766/2072-9081.2023.24.2.201-213
- Bagmet L.V., Tikhonova N.G. Nomenclature standards of honeysuckle varieties selected by the Pavlovsk Experimental Station of the Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources. *Horticulture and viticulture*. 2023;(4):5-13. [in Russian] (Багмет Л.В., Тихонова Н.Г. Номенклатурные стандарты сортов жимолости селекции Павловской опытной станции Всероссийского научно-исследовательского института генетических ресурсов имени Н.И. Вавилова. *Садоводство и виноградарство*. 2023;(4):5-13). DOI: 10.31676/0235-2591-2023-4-5-13
- Bagmet L.V., Tikhonova N.G. Nomenclature standards of actinidia varieties selected by the WIR Pavlovsk Experimental Station. *Agricultural and Livestock Technology*. 2024;7(4). [in Russian] (Багмет Л.В., Тихонова Н.Г. Номенклатурные стандарты сортов актинидии селекции Павловской опытной станции ВИР. *АгроЗооТехника*. 2024;7(4)). DOI: 10.15838/alt.2024.7.4.4
- Bakker F.T., Bieker V.C., Martin M.D. Herbarium collection-based plant evolutionary genetics and genomics. *Frontiers in Ecology and Evolution*. 2020;8:603948. DOI: 10.3389/fevo.2020.603948
- Bali S., Patel G., Novy R., Vining K., Brown C., Holm D., Porter G., Endelman J., Thompson A., Sathuvalli V. Evaluation of genetic diversity among Russet potato clones and varieties from breeding programs across the United States. *PLoS ONE*. 2018;13(8):e0201415. DOI: 10.1371/journal.pone.0201415
- Besnard G., Gaudeul M., Lavergne S., Muller S., Rouhan G., Sukhorukov A.P., Vanderpoorten A., Jabbour F. Herbarium-based science in the twenty-first century. *Botany Letters*. 2018;165:323-327. DOI: 10.1080/23818107.2018.1482783
- Bhardwaj V., Kumar A., Sharma S., Singh B., Poonam; Sood S., Dipta B., Singh R., Siddappa S., Thakur A.K., Dalamu D., Sharma A.K., Kumar V., Lal M., Kumar D. Analysis of genetic diversity, population structure and association mapping for late blight resistance in potato (*Solanum tuberosum* L.) accessions using SSR markers. *Agronomy*. 2023;13(2):294. DOI: 10.3390/agronomy13020294
- Brickell C.D., Alexander C., Cubey J.J., David J.C., Hoffman M.H.A., Leslie A.C., Malécot V., Jin X. (eds). International Code of Nomenclature for Cultivated Plants. Leuven: ISHS Secretariat; 2016. Available from: [https://www.ishs.org/sites/default/files/static/ScriptaHorticulturae\\_18.pdf](https://www.ishs.org/sites/default/files/static/ScriptaHorticulturae_18.pdf) [accessed Feb. 14, 2025].
- Buravtseva T.V., Lim N.Yu., Chukhina I.G. Cultivars of green bean for the Northwestern region of Russia. *Vavilovia*. 2023;6(3):22-30. [in Russian] (Буравцева Т.В., Лим Н.Ю., Чухина И.Г. Сорта овощной фасоли для Северо-Западного региона России. *Vavilovia*. 2023;6(3):22-30). DOI: 10.30901/2658-3860-2023-3-03
- Chukhina I.G., Miftakhova S.R. Russian translation of the International code of nomenclature for cultivated plants. *Proceedings on applied botany, genetics and breeding*. 2022;183(3):183-187. [in Russian] (Чухина И.Г., Мифтахова С.Р. Русскоязычный перевод Международного кодекса номенклатуры культурных растений. *Труды по прикладной ботанике, генетике и селекции*. 2022;183(3):183-187). DOI: 10.30901/2227-8834-2022-3-183-187
- Confidentiality, ownership and access to molecular data, including model agreement template: Document prepared by experts from the African Seed Trade Association (AFSTA), the Asia and Pacific Seed Association (APSA), the International Community of Breeders of Asexually Reproduced Horticultural Plants

- (CIOPORA), CropLife International, Euroseeds, the International Seed Federation (ISF) and the Seed Association of the Americas (SAA). August 31, 2021. BMT/20/5. UPOV; 2021. Available from: [https://www.upov.int/edocs/mdocs/upov/en/bmt\\_20/bmt\\_20\\_5.pdf](https://www.upov.int/edocs/mdocs/upov/en/bmt_20/bmt_20_5.pdf) [accessed Feb. 14, 2025].
- Efremova O.S., Volkova N.N., Gavrilenko T.A. Long-term preservation of modern Russian potato cultivars in the VIR cryobank. *Plant Biotechnology and Breeding*. 2020;3(3):68-76. [in Russian] (Ефремова О.С., Волкова Н.Н., Гавриленко Т.А. Длительное сохранение современных российских сортов картофеля в криобанке ВИР. *Биотехнология и селекция растений*. 2020;3(3):68-76). DOI: 10.30901/2658-6266-2020-3-01
- Efremova O.S., Volkova N.N., Rybakov D.A., Lisitsyna O.V., Ozerski P.V., Gavrilenko T.A. Development of the potato cryocollection preserved in the VIR cryobank. *Proceedings on Applied Botany, Genetics and Breeding*. 2023;184(3):9-20. [in Russian] (Ефремова О.С., Волкова Н.Н., Рыбаков Д.А., Лисицына О.В., Озерский П.В., Гавриленко Т.А. Расширение коллекции образцов картофеля, сохраняемой в криобанке ВИР. *Труды по прикладной ботанике, генетике и селекции*. 2023;184(3):9-20). DOI: 10.30901/2227-8834-2023-3-9-20
- Ershova L.A., Varganova I.V., Lebedeva N.V. Nomenclatural standard of barley cultivar 'Talovsky 9'. *Vavilovia*. 2023;6(3):15-21. [in Russian] (Ершова Л.А., Варганова И.В., Лебедева Н.В. Номенклатурный стандарт сорта ячменя 'Таловский 9'. *Vavilovia*. 2023;6(3):15-21). DOI: 10.30901/2658-3860-2023-3-01
- Evdokimenko S.N., Kamnev A.M., Podgaetskiy M.A., Burmenko Yu.V., Chukhina I.G. Nomenclature standards for raspberry breeding varieties of the Federal Scientific Breeding and Technological Center for Horticulture and Plant Nursery. *Horticulture and viticulture*. 2023;4:14-24. [in Russian] (Евдокименко С.Н., Камнев А.М., Подгаецкий М.А., Бурменко Ю.В., Чухина И.Г. Номенклатурные стандарты сортов малины селекции Федерального научного селекционно-технологического центра садоводства и питомниководства. *Садоводство и виноградарство*. 2023;4:14-24). DOI: 10.31676/0235-2591-2023-4-14-24
- Fomina M.N., Ivanova Yu.S., Lebedeva N.V., Varganova I.V. Nomenclatural standards of oat (*Avena sativa* L.) cultivars released by the Research Institute of Agriculture for the Northern Trans-Ural Region. *Proceedings on applied botany, genetics and breeding*. 2024;185(4):233-245. [in Russian] (Фомина М.Н., Иванова Ю.С., Лебедева Н.В., Варганова И.В. Номенклатурные стандарты сортов овса (*Avena sativa* L.) селекции НИИ сельского хозяйства Северного Зауралья. *Труды по прикладной ботанике, генетике и селекции*. 2024;185(4):233-245). DOI: 10.30901/2227-8834-2024-4-233-245
- Fomina N.A., Antonova O.Y., Chukhina I.G., Gavrilenko T.A. Herbarium collections in molecular genetic studies. *Turczaninowia*. 2019;22(4):104-118. [in Russian] (Фомина Н.А., Антонова О.Ю., Чухина И.Г., Гавриленко Т.А. Гербарные коллекции в молекулярно-генетических исследованиях. *Turczaninowia*. 2019;22(4):104-118). DOI: 10.14258%2Fturczaninowia.22.4.12
- Fomina N.A., Antonova O.Yu., Chukhina I.G., Gimaeva E.A., Stashevski Z., Gavrilenko T.A. Nomenclatural standards and genetic passports of potato cultivars bred by the Tatar Research Institute of Agriculture "Kazan Scientific Center of the Russian Academy of Sciences". *Plant Biotechnology and Breeding*. 2020a;3(3):55-67. [in Russian] (Фомина Н.А., Антонова О.Ю., Чухина И.Г., Гимаева Е.А., Сташевски З., Гавриленко Т.А. Номенклатурные стандарты и генетические паспорта сортов картофеля селекции Татарского НИИСХ «Казанский научный центр РАН». *Биотехнология и селекция растений*. 2020a;3(3):55-67). DOI: 10.30901/2658-6266-2020-3-04
- Fomina N.A., Antonova O.Yu., Chukhina I.G., Rybakov D.A., Safonova A.D., Meleshin A.A., Gavrilenko T.A. Nomenclatural standards, voucher specimens and genetic passports of potato cultivars created in the Siberian and Ural breeding centers. *Plant Biotechnology and Breeding*. 2020b;3(4):53-76. [in Russian] (Фомина Н.А., Антонова О.Ю., Чухина И.Г., Рыбаков Д.А., Сафонова А.Д., Мелешин А.А., Гавриленко Т.А. Номенклатурные стандарты, ваучерные образцы и генетические паспорта сортов картофеля, выведенных в селекционных центрах Сибири и Урала. *Биотехнология и селекция растений*. 2020b;3(4):53-76). DOI: 10.30901/2658-6266-2020-4-03
- Fu Y.-B. Will a plant germplasm accession conserved in a genebank change genetically over time? *Frontiers in Plant Science*. 2024;15:1437541. DOI: 10.3389/fpls.2024.1437541
- Gavrilenko T.A., Antonova O.Yu., Rybakov D.A., Oskina N.A. Certificate of state registration of the database No. 2025623098. The Russian Federation. Allelic composition of 8 chromosome-specific microsatellite loci in 109 domestic potato varieties (Svidetel'stvo o gosudarstvennoy registratsii bazy dannykh № 2025623098. Rossiyskaya Federatsiya. Allel'nyi sostav 8 khromosomspetsifichnykh mikrosatel'litnykh lokusov u 109 otechestvennykh sortov kartofelya): declared 23.06.2025 / declarant N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources. [preprint] 2025. [in Russian] (Гавриленко Т.А., Антонова О.Ю., Рыбаков Д.А., Оскина Н.А. Свидетельство о государственной регистрации базы данных № 2025623098. Российская Федерация. Аллельный состав 8 хромосомспецифичных микросателлитных локусов у 109 отечественных сортов картофеля: заявл. 23.06.2025 / заявитель Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова). [в печати] 2025).
- Gavrilenko T.A., Chukhina I.G. Nomenclatural standards of modern Russian potato cultivars preserved at the VIR herbarium (VIR): A new approach to cultivar gene pool registration in a genebank. *Plant Biotechnology and Breeding*. 2020;3(3):6-17. [in Russian] (Гавриленко Т.А., Чухина И.Г. Номенклатурные стандарты современных российских сортов картофеля, хранящиеся в гербарии ВИР (VIR): новые подходы к регистрации сортового генофонда в генбанках. *Биотехнология и селекция растений*. 2020;3(3):6-17). DOI: 10.30901/2658-6266-2020-3-02
- Gavrilenko T.A., Dunaeva S.E., Tikhonova O.A., Chukhina I.G. New approaches to registration and conservation of domestic cultivars of berry crops in the VIR Genebank on the example of red raspberry and black currant. *Plant Biotechnology and Breeding*. 2022;5(4):24-38. [in Russian] (Гавриленко Т.А., Дунаева С.Е., Тихонова О.А., Чухина И.Г. Новые подходы к регистрации и сохранению отечественных сортов ягодных культур в генбанке ВИР на примере малины обыкновенной и смородины черной. *Биотехнология и селекция растений*. 2022;5(4):24-38). DOI: 10.30901/2658-6266-2022-4-05
- Ghebresslassie B.M., Githiri S.M., Mehari T., Kasili R.W., Ghislain M., Magembe E. Genetic diversity assessment of farmers' and improved potato (*Solanum tuberosum*) cultivars from Eritrea using simple sequence repeat (SSR) markers. *African journal of biotechnology*. 2016;15(35):1883-1891. DOI: 10.5897/AJB2016.15237
- Ghislain M., Nunez J., del Rosario Herrera M., Pignataro J., Guzman F., Bonierbale M., Spooner D.M. Robust and highly informative microsatellite-based genetic identity kit for potato. *Molecular Breeding*. 2009;23:377-388. DOI: 10.1007/s11032-008-9240-0
- General Introduction to the Examination of Distinctness, Uniformity and Stability and the Development of Harmonized Descriptions of New Varieties of Plants. Document TG/1/3. Geneva: UPOV; 2002. Available from: [https://www.upov.int/en/publications/tg-rom/tg001/tg\\_1\\_3.pdf](https://www.upov.int/en/publications/tg-rom/tg001/tg_1_3.pdf) [accessed Feb. 14, 2025].
- Gubareva N.K., Gavrilyuk I.P., Konarev A.V. Identification of crop varieties by the electrophoretic spectra of reserve proteins. *Agrarnaya Rossiya = Agrarian Russia*. 2015;(11):21-27. [in Russian] (Губарева Н.К., Гаврилюк И.П., Конарев А.В. Идентификация сортов сельскохозяйственных культур по электрофоретическим спектрам запасных белков. *Аграрная Россия*. 2015;(11):21-27).
- Guideline for DNA-Profiling: Molecular Marker Selection and Database Construction ("BMT Guideline"): adopted by the Council at its forty-fourth ordinary session on October 21, 2010. UPOV/INF/171. Geneva: UPOV; 2010. Available from: [https://www.upov.int/edocs/infdocs/en/upov\\_inf\\_17\\_1.pdf](https://www.upov.int/edocs/infdocs/en/upov_inf_17_1.pdf) [accessed Feb. 14, 2025].
- Hosaka K., Sanetomo R. Development of a rapid identification method for potato cytoplasm and its use for evaluating Japanese collections. *Theoretical and Applied Genetics*. 2012;125(6):1237-

1251. DOI: 10.1007/s00122-012-1909-4
- International Code of Nomenclature for Cultivated Plants. Division III–VI, Appendix I–IX. I.G. Chukhina, S.R. Miftakhova, V.I. Dorofeyev (transl.). Transl. of: «International Code of Nomenclature for Cultivated Plants. Ed. 9. *Scripta Horticulturae*. 2016;18:I–XVII+1–190». *Vavilovia*. 2022;5(1):41–70. [in Russian] (Международный кодекс номенклатуры культурных растений. Часть III–VI, Приложение I–IX/ перевод с английского И.Г. Чухина, С.Р. Мифтахова, В.И. Дорофеев. Пер. изд.: «International Code of Nomenclature for Cultivated Plants. Ed. 9. *Scripta Horticulturae*. 2016;18:I–XVII+1–190». *Vavilovia*. 2022;5(1):41–70). DOI: 10.30901/2658-3860-2022-1-41-70
- International Convention for the Protection of New Varieties of Plants (Paris, 2 December 1961). Available from: [https://www.iatp.org/sites/default/files/International\\_Convention\\_for\\_the\\_Protection\\_of.htm](https://www.iatp.org/sites/default/files/International_Convention_for_the_Protection_of.htm) [accessed Feb. 14, 2025].
- International Convention for the Protection of New Varieties of Plants of December 2, 1961, as Revised at Geneva on November 10, 1972, on October 23, 1978, and on March 19, 1991. International Union for the Protection of New Varieties of Plants; 1991. 24 p. UPOV Publication no: 221(E). Available from: [https://www.upov.int/edocs/pubdocs/en/upov\\_pub\\_221.pdf](https://www.upov.int/edocs/pubdocs/en/upov_pub_221.pdf) [accessed Feb. 14, 2025].
- International Convention for the Protection of New Varieties of Plants of December 2, 1961, as Revised at Geneva on November 10, 1972, on October 23, 1978, and on March 19, 1991. Final edition (Geneva, May 1, 1997). Geneva: International Union for the Protection of New Varieties of Plants (UPOV); 1997. 21 p. [in Russian] (Международная конвенция по охране новых сортов растений от 2 декабря 1961 г., пересмотренная в Женеве 10 ноября 1972 г., 23 октября 1978 г. и 19 марта 1991 г. Окончательная редакция (Женева, 1 мая 1997 г.) / Международный союз по охране новых сортов растений. Женева: UPOV; 1997. 21 с.). URL: <https://gossortrf.ru/upload/2019/08/Mezhdunarodnaya-konventsiya-po-ohrane-novyih-sortov-rasteniy.pdf> [дата обращения: 14.02.2025].
- Isachkova O.A., Lebedeva N.V., Varganova I.V. Nomenclatural standards of oat cultivars of west Siberian selection. *Siberian Herald of Agricultural Science*. 2025;55(4):34–45. [in Russian] (Исачкова О.А., Лебедева Н.В., Варганова И.В. Номенклатурные стандарты сортов овса западносибирской селекции. *Сибирский вестник сельскохозяйственной науки*. 2025;55(4):34–45). DOI: 10.26898/0370-8799-2025-4-4
- Kamnev A.M., Dunaeva S.E., Nevostruева E.Yu., Kuzmina A.A., Gavrilenko T.A., Chukhina I.G. Nomenclatural standards of raspberry cultivars bred by the Sverdlovsk Horticultural Breeding Station and Novosibirsk Zonal Gardening Station. *Vavilovia*. 2022;5(4):13–38. [in Russian] (Камнев А.М., Дунаева С.Е., Невоструева Е.Ю., Кузьмина А.А., Гавриленко Т.А., Чухина И.Г. Номенклатурные стандарты сортов малины селекции Свердловской селекционной станции садоводства и Новосибирской зональной станции садоводства. *Vavilovia*. 2022;5(4):13–38). DOI: 10.30901/2658-3860-2022-4-03
- Kamnev A.M., Yagovtseva N.D., Dunaeva S.E., Gavrilenko T.A., Chukhina I.G. Nomenclatural standards of raspberry cultivars bred in the Altai. *Vavilovia*. 2021;4(2):26–43. [in Russian] (Камнев А.М., Яговцева Н.Д., Дунаева С.Е., Гавриленко Т.А., Чухина И.Г. Номенклатурные стандарты сортов малины Алтайской селекции. *Vavilovia*. 2021;4(2):26–43). DOI: 10.30901/2658-3860-2021-2-26-43
- Kamnev A.M., Zhidekhina T.V., Antonova O.Yu., Dunaeva S.E., Chukhina I.G., Gavrilenko T.A. Nomenclatural standards and microsatellite profiles of raspberry cultivars bred at the I.V. Michurin Federal Scientific Center. *Plant Biotechnology and Breeding*. 2024;7(3):31–41. [in Russian] (Камнев А.М., Жидехина Т.В., Антонова О.Ю., Дунаева С.Е., Чухина И.Г., Гавриленко Т.А. Номенклатурные стандарты и микросателлитные профили сортов малины селекции Федерального научного центра им. И.В. Мичурина. *Биотехнология и селекция растений*. 2024;7(3):31–41). DOI: 10.30901/2658-6266-2024-3-05
- Karetnikov D.I., Vasiliev G.V., Toshchakov S.V., Shmakov N.A., Genaev M.A., Nesterov M.A., Ibragimova S.M., Rybakov D.A., Gavrilenko T.A., Salina E.A., Patrushev M.V., Kochetov A.V., Afonnikov D.A. Analysis of genome structure and its variations in potato cultivars grown in Russia. *International Journal of Molecular Sciences*. 2023;24:5713. DOI: 10.3390/ijms24065713
- Kharchenko A.A., Belevtsova V.I., Chukhina I.G. Strawberry cultivars with *Fragaria orientalis* Losinsk. in their pedigrees. *Proceedings on applied botany, genetics and breeding*. 2024;185(2):189–200. [in Russian] (Харченко А.А., Белевцова В.И., Чухина И.Г. Сорта земляники с использованием *Fragaria orientalis* Losinsk. *Труды по прикладной ботанике, генетике и селекции*. 2024;185(2):189–200). DOI: 10.30901/2227-8834-2024-2-189-200
- Khlestkina E.K., Gekht M.A., Gavrilenko T.A., Chukhina I.G., Antonova O.Yu., Ukhatova Yu.V. Genetic Passports: Science for Economy. *Plant Biotechnology and Breeding*. [preprint] 2025. [in Russian] (Хлесткина Е.К., Гехт М.А., Гавриленко Т.А., Чухина И.Г., Антонова О.Ю., Ухатова Ю.В. Генетические паспорта: наука экономике. *Биотехнология и селекция растений*. [в печати] 2025).
- Klimenko N.S., Gavrilenko T.A., Chukhina I.G., Gadzhiev N.M., Evdokimova Z.Z., Lebedeva V.A. Nomenclatural standards and genetic passports of potato cultivars bred at the Leningrad Research Institute for Agriculture “Belogorka”. *Plant Biotechnology and Breeding*. 2020;3(3):18–54. [in Russian] (Клименко Н.С., Гавриленко Т.А., Чухина И.Г., Гаджиев Н.М., Евдокимова З.З., Лебедева В.А. Номенклатурные стандарты и генетические паспорта сортов картофеля, выведенные селекционерами Ленинградского НИИСХ «Белогорка». *Биотехнология и селекция растений*. 2020;3(3):18–54). DOI: 10.30901/2658-6266-2020-3-03
- Kolobova O.S., Maluchenko O.P., Shalaeva T.V., Shanina E.P., Shilov I.A., Alekseev Ya.I., Velishaeva N.S. Multiplexed set of 10 microsatellite markers for identification of potato varieties. *Vavilov Journal of Genetics and Breeding*. 2017;21(1):124–127. [in Russian] (Колобова О.С., Малоченко О.П., Шалаева Т.В., Шанина Е.П., Шилов И.А., Алексеев Я.И., Велишаева Н.С. Генетическая паспортизация картофеля на основе мультиплексного анализа 10 микросателлитных маркеров. *Вавиловский журнал генетики и селекции*. 2017;21(1):124–127). DOI: 10.18699/VJ17.230
- Konarev V.G. Plant proteins as genetic markers (Belki rastenii kak geneticheskie markery). Moscow: Kolos; 1983. [in Russian] (Конарев В.Г. Белки растений как генетические маркеры. Москва: Колос; 1983).
- Konarev V.G., Gavriljuk I.P. (eds.). Biochemical identification of varieties: materials 3 International Symposium ISTA; 1987; Leningrad, USSR. Leningrad: VIR; 1988.
- Kornyukhin D.L., Talovina G.V. Nomenclatural standards of turnip cultivars bred in VIR. *Vavilovia*. 2024;7(3):3–9. [in Russian] (Корнюхин Д.Л., Таловина Г.В. Номенклатурные стандарты сортов репы и турнепса селекции ВИР. *Vavilovia*. 2024;7(3):3–9). DOI: 10.30901/2658-3860-2024-3-03
- Kulyan R., Samarina L., Shkhalakhova R., Kuleshov A., Ukhatova Y., Antonova O., Koninskaya N., Matskiv A., Malyarovskaya V., Ryndin A. InDel and SCoT markers for genetic diversity analysis in citrus collection of the Western Caucasus. *Molecular Sciences*. 2023;24(9):8276. DOI: 10.3390/ijms24098276
- Lebedeva N.V., Fomina M.N., Ivanova Yu.S., Sharapova N.V., Varganova I.V. Nomenclatural standards of barley cultivars bred by the Scientific Research Institute of Agriculture for Northern Trans-Ural Region – Branch of the Tyumen Scientific Research Center SB RAS. *Vavilovia*. 2023a;6(3):3–14. [in Russian] (Лебедева Н.В., Фомина М.Н., Иванова Ю.С., Шарапова Н.В., Варганова И.В. Номенклатурные стандарты сортов ячменя селекции НИИСХ Северного Зауралья – филиала Тюменского научного центра Сибирского отделения РАН. *Vavilovia*. 2023a;6(3):3–14). DOI: 10.30901/2658-3860-2023-3-02
- Lebedeva N.V., Maksimov R.A., Varganova I.V. Nomenclatural standards of barley cultivars bred by the Ural Research Institute of Agriculture – Branch of the Ural Federal Agrarian Scientific Research Center, Ural Branch of the Russian Academy of Sciences. *Vavilovia*. 2023b;6(4):15–24 [in Russian] (Лебедева Н.В., Максимов Р.А., Варганова И.В. Номенклатурные стандарты сортов ячменя селекции Уральского НИИСХ – филиала Уральского федерального аграрного научно-исследовательского центра Уральского отделения РАН. *Vavilovia*. 2023b;6(4):15–24).

- DOI: 10.30901/2658-3860-2023-4-o2
- Lee K.-J., Sebastin R., Cho G.-T., Yoon M., Lee G.-A., Hyun D.-Y. Genetic diversity and population structure of potato germplasm in RDA-Genebank: utilization for breeding and conservation. *Plants*. 2021;10(4):752. DOI: 10.3390/plants10040752
- Lim N.Yu., Bekish L.P., Chikida N.N. Nomenclature standard of triticale variety 'Bilinda'. *Agricultural and Livestock Technology*. 2024;7(4). [in Russian] (Лим Н.Ю., Бекиш Л.П., Чикида Н.Н. Номенклатурный стандарт сорта тритикале 'Билинда'. *АгроЗооТехника*. 2024;7(4)). DOI: 10.15838/alt.2024.7.4.3
- Meetings. In: UPOV; [website]. 2025. Available from: <https://www.upov.int/meetings/en/> [accessed Feb. 14, 2025].
- Nevostrueva E.Yu., Bagmet L.V. Nomenclatural standards of strawberry cultivars bred by Sverdlovsk Horticultural Breeding Station. *Agricultural Science Euro-North-East*. 2024;25(5):846-854. [in Russian] (Невоструева Е.Ю., Багмет Л.В. Номенклатурные стандарты сортов земляники селекции Свердловской селекционной станции садоводства. *Аграрная наука Евро-Северо-Востока*. 2024;25(5):846-854). DOI: 10.30766/2072-9081.2024.25.5.846-854
- On approval of the Federal Scientific and Technical Program for the Development of Genetic Technologies for 2019-2030: Resolution of the Government of the Russian Federation of April 22, 2019 No. 479 (Ob utverzhdenii Federal'noy nauchno-tekhnicheskoy programmy razvitiya geneticheskikh tekhnologiy na 2019-2030 gody: Postanovleniye razvitiya Rossiyskoy Federatsii ot 22.04.2019 g. № 479). Moscow; 2019. [in Russian] (Об утверждении Федеральной научно-технической программы развития генетических технологий на 2019-2030 годы: Постановление Правительства Российской Федерации от 22.04.2019 г. № 479. Москва; 2019). URL: <http://government.ru/docs/all/121600/> [дата обращения: 14.01.2025].
- On approval of the form of a genetic passport: Order of the Ministry of Agriculture of the Russian Federation dated October 26, 2023 No. 814: (registered December 13, 2023 No. 76367) (Ob utverzhdenii formy geneticheskogo pasporta: Prikaz Ministerstva sel'skogo khozyaystva Rossiyskoy Federatsii ot 26.10.2023 № 814: (zaregistrirovan 13.12.2023 № 76367)). Moscow, 2023. [in Russian] (Об утверждении формы генетического паспорта: Приказ Министерства сельского хозяйства Российской Федерации от 26.10.2023 № 814: (зарегистрирован 13.12.2023 № 76367). Москва, 2023). URL: <http://publication.pravo.gov.ru/document/0001202312130019> [дата обращения: 14.01.2025].
- On seed production: Federal Law No. 454-FZ of December 30, 2021 (O semenovodstve: Federal'ny zakon ot 30.12.2021 No. 454-FZ). Moscow, 2021. [in Russian] (О семеноводстве: Федеральный закон от 30.12.2021 № 454-ФЗ: [принят Государственной думой 22 декабря 2021 года: одобрен Советом Федерации 24 декабря 2021 года]. Москва; 2021). URL: <http://publication.pravo.gov.ru/Document/View/0001202112300119> [дата обращения: 14.01.2025].
- On the development of genetic technologies in the Russian Federation: Decree of the President of the Russian Federation of November 28, 2018. No. 680 (O razvitiu geneticheskikh tekhnologiy v Rossiyskoy Federatsii: Ukaz Prezidenta Rossiyskoy Federatsii ot 28.11.2018 g. № 680). Moscow; 2018. [in Russian] (О развитии генетических технологий в Российской Федерации: Указ Президента Российской Федерации от 28.11.2018 г. № 680. Москва; 2018). URL: <http://www.kremlin.ru/acts/bank/43794> [дата обращения: 14.01.2025].
- Oskina N.A., Rybakov D.A., Shanina E.P., Lisitsyna O.V., Chukhina I.G., Gavrilenko T.A. An integrated approach to the registration and preservation of a cultivar gene pool in the VIR genebank exemplified in cultivars bred by the Ural Federal Agrarian Research Center of the Ural Branch of the Russian Academy of Sciences. *Plant Biotechnology and Breeding*. 2023;6(2):5-26. [in Russian] (Оськина Н.А., Рыбаков Д.А., Шанина Е.П., Лисицына О.В., Чухина И.Г., Гавриленко Т.А. Комплексный подход к регистрации и сохранению сортового генофонда в генбанке ВИР на примере сортов картофеля селекции Уральского федерального аграрного научно-исследовательского центра Уральского отделения РАН. *Биотехнология и селекция растений*. 2023;6(2):5-26). DOI: 10.30901/2658-6266-2023-2-o4
- Possible use of molecular markers in the examination of Distinctness, Uniformity and Stability (DUS): adopted by the Council at its forty-fifth ordinary session on October 20, 2011. UPOV/INF/18/1. Geneva: UPOV; 2011. Available from: [https://www.upov.int/edocs/infdocs/en/upov\\_inf\\_18\\_1.pdf](https://www.upov.int/edocs/infdocs/en/upov_inf_18_1.pdf) [accessed Feb. 14, 2025].
- Resolution of the Government of the Russian Federation of December 18, 1997 No. 1577 On the accession of the Russian Federation to the International Convention for the Protection of New Varieties of Plants (as amended by Resolution of the Government of the Russian Federation of December 24, 2003 No. 777, with amendments introduced by Resolution of the Government of the Russian Federation of August 24, 2002 No. 630) (Postanovleniye Pravitel'stva RF ot 18 dekabrya 1997 g. No. 1577 «O prisoyedinenii Rossiyskoy Federatsii k Mezhdunarodnoy konventsii po okhrane novykh sortov rasteniy», (v red. Postanovleniya Pravitel'stva RF ot 24.12.2003 No. 777, s izm., vnesennymi Postanovleniyem Pravitel'stva RF ot 24.08.2002 No. 630)). Moscow; 2003. [in Russian] (Постановление Правительства РФ от 18 декабря 1997 г. № 1577 «О присоединении Российской Федерации к Международной конвенции по охране новых сортов растений», (в ред. Постановления Правительства РФ от 24.12.2003 № 777, с изм., внесенными Постановлением Правительства РФ от 24.08.2002 № 630). Москва; 2003). URL: <https://gossortrf.ru/upload/2019/08/Postanovlenie-Pravitel'stva-RF-ot-18.12.1997-N-1577.pdf> [дата обращения: 14.02.2025].
- Review of document UPOV/INF/17 "Guidelines for DNA-Profiling: Molecular Marker Selection and Database Construction". September 14, 2020. BMT/19/3 Rev. UPOV; 2020. Available from: [https://www.upov.int/edocs/mdocs/upov/en/bmt\\_19/bmt\\_19\\_3\\_rev.pdf](https://www.upov.int/edocs/mdocs/upov/en/bmt_19/bmt_19_3_rev.pdf) [accessed Feb. 14, 2025].
- Rybakov D.A., Antonova O.Yu., Chukhina I.G., Fomina N.A., Klimenko N.S., Zheltova V.V., Meleshin A.A., Kochieva E.Z., Oves E.V., Apshev Kh.Kh., Simakov E.A., Gavrilenko T.A. Nomenclatural standards and genetic passports of potato cultivars bred in the A.G. Lorkh All-Russian Potato Research Institute of Potato Farming. *Plant Biotechnology and Breeding*. 2020;3(4):5-52. [in Russian] (Рыбаков Д.А., Антонова О.Ю., Чухина И.Г., Фомина Н.А., Клименко Н.С., Желтова В.В., Мелешин А.А., Кочиева Е.З., Овэс Е.В., Апшев Х.Х., Симаков Е.А., Гавриленко Т.А. Номенклатурные стандарты и генетические паспорта сортов картофеля селекции Всероссийского научно-исследовательского института картофеля им. А.Г. Лорха. *Биотехнология и селекция растений*. 2020;3(4):5-52). DOI: 10.30901/2658-6266-2020-4-o1
- Rybakov D.A., Cheremisin A.I., Antonova O.Yu., Chukhina I.G., Gavrilenko T.A. Nomenclatural standards and genetic passports of potato cultivars bred by the Omsk Agrarian Research Center. *Plant Biotechnology and Breeding*. 2022;5(4):6-23. [in Russian] (Рыбаков Д.А., Черемисин А.И., Антонова О.Ю., Чухина И.Г., Гавриленко Т.А. Номенклатурные стандарты и генетические паспорта сортов картофеля селекции Омского Аграрного научного центра. *Биотехнология и селекция растений*. 2022;5(4):6-23). DOI: 10.30901/2658-6266-2022-4-o4
- Rybakov D.A., Kim I.V., Ivashchenko A.D., Sherstyukova T.P., Antonova O.Yu., Gavrilenko T.A. Nomenclatural standards and genetic passports of potato cultivars bred by the Kamchatka Research Institute of Agriculture and the Federal Scientific Center of Agricultural Biotechnology of the Far East named after A.K. Chaika. *Plant Biotechnology and Breeding*. 2024;7(4):31-55. [in Russian] (Рыбаков Д.А., Ким И.В., Ивашенко А.Д., Шерстюкова Т.П., Антонова О.Ю., Гавриленко Т.А. Номенклатурные стандарты и генетические паспорта сортов картофеля селекции Камчатского НИИСХ и ФНЦ агроботехнологий Дальнего Востока им. А.К. Чайки. *Биотехнология и селекция растений*. 2024;7(4):31-55). DOI: 10.30901/2658-6266-2024-4-o3
- Shlyavav A.V., Telezhinskiy D.D., Bagmet L.V. Nomenclatural standards of apple cultivars developed at Sverdlovsk Horticultural Breeding Station. Part I. *Proceedings on applied botany, genetics and breeding*. 2021;182(4):102-107. [in Russian] (Шлявас А.В., Тележинский Д.Д., Багмет Л.В. Номенклатурные стандарты сортов яблони селекции Свердловской селекционной станции садоводства. Ч. 1. *Труды по прикладной ботанике, генетике и*

- селекции. 2021;182(4):102-107). DOI: 10.30901/2227-8834-2021-4-102-107
- Sinelnikova V.N. Legal regime of elements (parts) of living nature as objects of civil turnover (Pravovoy rezhim elementov (chastei) zhivoy prirody kak ob'yektov grazhdanskogo oborota). Moscow; 2016. (Supplement to the monthly legal journal *Economy and Law*; No. 12/2016). [in Russian] (Синельникова В.Н. Правовой режим элементов (частей) живой природы как объектов гражданского оборота. Москва; 2016. (Приложение к ежемесячному юридическому журналу «Хозяйство и право»; № 12/2016).
- Sinelnikova V.N. The concept of modernization of the legal regime of elements (parts) of living nature as objects of civil turnover. *Intellectual Property Law*. 2017;(4):11-21. [in Russian] (Синельникова В.Н. Концепция модернизации правового режима элементов (частей) живой природы как объектов гражданского оборота. *Право интеллектуальной собственности*. 2017;(4):11-21).
- Sokolova D.V., Chukhina I.G. New cultivar of amaranth 'Frant' created at VIR. *Vavilovia*. 2024;7(3):10-17. [in Russian] (Соколова Д.В., Чухина И.Г. Новый сорт амаранта 'Фронт' селекции ВИР. *Vavilovia*. 2024;4(3):10-17). DOI: 10.30901/2658-3860-2024-3-04
- State Commission of the Russian Federation for Selection Achievements Test and Protection (Gossortcommissiya): [website]. Moscow; 2025. [in Russian] (Государственная комиссия Российской Федерации по испытанию и охране селекционных достижений (Госсортоккомиссия): [сайт]. Москва; 2025). URL: <https://gossortrf.ru/> [дата обращения: 15.02.2025].
- State Register for Selection Achievements Admitted for Usage (National List). Vol. 1 "Plant varieties" (official publication). Moscow: Rosinformagrotekh; 2020. [in Russian] (Государственный реестр селекционных достижений, допущенных к использованию. Т. 1. «Сорта растений» (официальное издание). Москва: Росинформагротех; 2020).
- Stearn W.T. (ed.). International Code of Nomenclature for Cultivated Plants., Utrecht, London: IAPT; 1953.
- Talovina G.V., Zhidekhina T.V., Dunaeva S.E., Gur'eva I.V., Rodiukova O.S., Klimenko N.S., Kuzmina E.V., Gavrilenko T.A. Nomenclatural standards of black currant cultivars bred by the I.V. Michurin Federal Scientific Center. *Vavilovia*. 2023;6(2):3-32. [in Russian] (Таловина Г.В., Жидехина Т.В., Дунаева С.Е., Гурьева И.В., Родюкова О.С., Клименко Н.С., Кузьмина Е.В., Гавриленко Т.А. Номенклатурные стандарты сортов смородины черной, созданных в «Федеральном научном центре им. И.В. Мичурина». *Vavilovia*. 2023;6(2):3-32). DOI: 10.30901/2658-3860-2023-2-02
- Test Guidelines for the conduct of tests for distinctness, uniformity and stability (DUS). Geneva, Switzerland: International Union for the Protection of New Varieties of Plants. Geneva: UPOV; 2011. Available from: [https://www.upov.int/test\\_guidelines/en/](https://www.upov.int/test_guidelines/en/) [accessed Feb. 14, 2025].
- The Civil Code of the Russian Federation with all amendments for 2025 (Grazhdanskiy Kodeks Rossiyskoy Federatsii so vsemi izmeneniyami na 2025 god). [in Russian] (Гражданский Кодекс Российской Федерации со всеми изменениями на 2025 год). URL: <https://grazhkod.ru/skachat-gk-rf> [дата обращения: 14.02.2025].
- Tikhonova O.A., Shabliuk N.O., Gavrilenko T.A., Dunaeva S.E., Talovina G.V. Nomenclatural standards of black currant cultivars bred at VIR. *Vavilovia*. 2021;4(2):3-25. [in Russian] (Тихонова О.А., Шаблюк Н.О., Гавриленко Т.А., Дунаева С.Е., Таловина Г.В. Номенклатурные стандарты сортов чёрной смородины селекции ВИР. *Vavilovia*. 2021;4(2):3-25). DOI: 10.30901/2658-3860-2021-2-3-25
- Turland N.J., Wiersema J.H., Barrie F.R., Greuter W., Hawksworth D.L., Herendeen P.S., Knapp S., Kusber W.-H., Li D.-Z., Marhold K., May T.W., McNeill J., Monro A.M., Prado J., Price M.J., Smith G.F. (eds). International Code of Nomenclature for algae, fungi, and plants (Shenzhen Code). Adopted by the Nineteenth International Botanical Congress Shenzhen, China, July 2017. *Regnum Vegetabile* 159. Glashütten: Koeltz Botanical Books; 2018. DOI: 10.12705/Code.2018
- Ulyanovskaya E.V., Suprun I.I., Bogdanovich T.V., Chernutskaya E.A., Tokmakov S.V., Talovina G.V. Nomenclatural standards and genetic certificates for apple-tree cultivars developed at the North Caucasian Federal Scientific Center of Horticulture, Viticulture, Wine-making. *Proceedings on Applied Botany, Genetics and Breeding*. 2023;184(4):174-189. [in Russian] (Ульяновская Е.В., Супрун И.И., Богданович Т.В., Чернуцкая Е.А., Токмаков С.В., Таловина Г.В. Номенклатурные стандарты и генетические паспорта сортов яблони селекции Северо-Кавказского федерального научного центра садоводства, виноградарства, виноделия. *Труды по прикладной ботанике, генетике и селекции*. 2023;184(4):174-189). DOI: 10.30901/2227-8834-2023-4-174-189
- UPOV: [website]. Available from: <https://www.upov.int/portal/index.html.en> [accessed Feb. 14, 2025].
- Varganova I.V., Kardashina V.E., Bessonova L.V., Vyatkina R.I., Lebedeva N.V. Nomenclatural standards for the spring oat cultivars (*Avena sativa* L.) developed in the Urals and Siberia. *Proceedings on applied botany, genetics and breeding*. 2024;185(4):221-232. [in Russian] (Варганова И.В., Кардашина В.Е., Бессонова Л.В., Вяткина Р.И., Лебедева Н.В. Номенклатурные стандарты сортов ярового овса (*Avena sativa* L.) уральской и сибирской селекции. *Труды по прикладной ботанике, генетике и селекции*. 2024;185(4):221-232). DOI: 10.30901/2227-8834-2024-4-221-232
- Varganova I.V., Lebedeva N.V., Dubovskaya A.G. Nomenclatural Standard of Spring Rapeseed 'Oredezh 6'. *Agricultural and Livestock Technology*. 2024b;7(4). [in Russian] (Варганова И.В., Лебедева Н.В., Дубовская А.Г. Номенклатурный стандарт рапса ярового 'Оредеж 6'. *АгроЗооТехника*. 2024b;7(4)). DOI: 10.15838/alt.2024.7.4.1
- Varganova I.V., Stolpivskaya E.V., Kosykh L.A., Lebedeva N.V. Nomenclatural standards of spring barley cultivars bred by the Volga Scientific Research Institute of Selection and Seed-Growing named after P.N. Konstantinov. *Vavilovia*. 2023;6(4):3-14. [in Russian] (Варганова И.В., Столивицкая Е.В., Косых Л.А., Лебедева Н.В. Номенклатурные стандарты сортов ярового ячменя селекции Поволжского научно-исследовательского института селекции и семеноводства имени П.Н. Константинова. *Vavilovia*. 2023;6(4):3-14). DOI: 10.30901/2658-3860-2023-4-01

### Информация об авторах

**Татьяна Андреевна Гавриленко**, доктор биологических наук, главный научный сотрудник, отдел биотехнологии, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова (ВИР), 190000 Россия, Санкт-Петербург, ул. Большая Морская, 42, 44, [tatjana9972@yandex.ru](mailto:tatjana9972@yandex.ru), <https://orcid.org/0000-0002-2605-6569>

**Ирена Георгиевна Чухина**, кандидат биологических наук, ведущий научный сотрудник, отдел агроботаники и *in situ* сохранения генетических ресурсов растений, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова (ВИР), 190000 Россия, Санкт-Петербург, ул. Большая Морская, 42, 44, [i.chukhina@vir.nw.ru](mailto:i.chukhina@vir.nw.ru), <https://orcid.org/0000-0003-3587-6064>

**Ольга Юрьевна Антонова**, кандидат биологических наук, ведущий научный сотрудник, заведующая, лаборатория молекулярной селекции и ДНК-паспортизации, отдел биотехнологии, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова (ВИР), 190000 Россия, Санкт-Петербург, ул. Большая Морская, 42, 44, [olgaant326@mail.ru](mailto:olgaant326@mail.ru), <https://orcid.org/0000-0001-8334-8069>

---

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

**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](mailto:director@vir.nw.ru), <https://orcid.org/0000-0002-8470-8254>

### ***Information about the authors***

**Tatjana A. Gavrilenko**, Dr. Sci. (Biology), Chief Researcher, Biotechnology Department, N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources (VIR), 42, 44, Bolshaya Morskaya Street, St. Petersburg, 190000 Russia, [tatjana9972@yandex.ru](mailto:tatjana9972@yandex.ru), <https://orcid.org/0000-0002-2605-6569>

**Irena G. Chukhina**, Cand. Sci. (Biology), Leading 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, [i.chukhina@vir.nw.ru](mailto:i.chukhina@vir.nw.ru), <https://orcid.org/0000-0003-3587-6064>

**Olga Yu. Antonova**, Cand. Sci. (Biology), Leading Researcher, Head, Laboratory of Molecular Breeding and DNA Certification, Department of Biotechnology, N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources (VIR), 42, 44, Bolshaya Morskaya Street, St. Petersburg, 190000 Russia, [olgaant326@mail.ru](mailto:olgaant326@mail.ru), <https://orcid.org/0000-0001-8334-8069>

**Yulia V. Ukhatova**, Cand. Sci. (Biology), Deputy Director, 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](mailto:y.ukhatova@vir.nw.ru), <https://orcid.org/0000-0001-9366-0216>

**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](mailto:director@vir.nw.ru), <https://orcid.org/0000-0002-8470-8254>

#### ***Вклад авторов:***

**Концептуализация** – ТАГ, ИГЧ, ЕКХ

**Написание – черновик – все авторы:** ТАГ, ИГЧ, ОЮА, ЮВУ, ЕКХ

**Написание** – ТАГ, ИГЧ

**Рецензирование** – ТАГ, ЕКХ

**Редактирование** – ТАГ, ЕКХ, ОЮА, ИГЧ

**Приложение** – ИГЧ, ТАГ

Все авторы прочитали и согласились с данной версией рукописи

#### ***Author contribution:***

**Conceptualization** – TAG, IGCh, EKKh

**Writing – original draft – all the authors:** TAG, IGCh, OYuA, UVU, EKKh

**Writing** – TAG, IGCh

**Reviewing** – TAG, EKKh,

**Editing** – TAG, EKKh, OYuA, IGCh

**Supplement** – IGCh, TAG

All authors have read and approved the current version of the manuscript

Статья поступила в редакцию 10.05.2025; одобрена после рецензирования 10.06.2025; принята к публикации 21.06.2025.

The article was submitted on 10.05.2025; approved after reviewing on 10.06.2025; accepted for publication on 21.06.2025.



Обзорная статья  
УДК 575.1:575.2:633  
DOI: 10.30901/2658-6266-2025-2-05



## Генетические паспорта: наука – экономике

Е. К. Хлесткина<sup>1,2,3</sup>, Т. А. Гавриленко<sup>1</sup>, И. Г. Чухина<sup>1</sup>, М. А. Гехт<sup>4</sup>, О. Ю. Антонова<sup>1</sup>, Ю. В. Ухатова<sup>1,3</sup>

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

<sup>2</sup>Вавиловское общество генетиков и селекционеров, Новосибирск, Россия

<sup>3</sup>Научно-технологический университет «Сириус», Центр генетики и наук о жизни, Краснодарский край, Россия

<sup>4</sup>ООО «Русид», Краснодар, Россия

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

В настоящих сложных условиях резкого изменения климата, санкционной политики и задач по достижению технологического лидерства Российской Федерации возрастает актуальность расширения и сохранения генетического разнообразия сельскохозяйственных растений, повышения эффективности идентификации и документирования сортов и гибридов. В статье рассматриваются все этапы становления сортовой идентификации. Отдельное внимание уделено регулированию связанных с этим вопросов на международном и национальном уровнях, усовершенствованию понятийного аппарата. Отмечено, что важные заделы для развития технологий идентификации сортов создаются в ходе исследований, запланированных в рамках деятельности Национальных центров генетических ресурсов растений. Развитие современных технологий генетической паспортизации и перспективы сборки пангеномов растений позволяют перейти от сортовой идентификации «4.0» к реализации версии «5.0». В статье рассматриваются последние изменения на рынке АПК как фактор, повлиявший на внимание к генетическим паспортам. Отмечено, что разработка подходящих арбитражных методов паспортизации – это большая совместная работа как ведущих центров компетенций в биологии и селекции растений, так и заинтересованного бизнеса, желающего получать качественный посадочный материал. Применение таких методов позволит создать крепкий фундамент по недопущению незаконного присвоения интеллектуальной собственности, а также способно оказать положительное влияние на развитие смежных отраслей.

**Ключевые слова:** белковые маркеры, генетический паспорт, гибриды растений, ДНК-маркеры, интеллектуальная собственность, селекция, сорта растений, сортовая идентификация

**Благодарности:** Работа выполнена в рамках реализации Программы развития Национального центра генетических ресурсов растений по соглашению с Минобрнауки России от 26 февраля 2025 года № 075-02-2025-1584.

**Для цитирования:** Хлесткина Е.К., Гавриленко Т.А., Чухина И.Г., Гехт М.А., Антонова О.Ю., Ухатова Ю.В. Генетические паспорта: наука – экономике. *Биотехнология и селекция растений*. 2025;8(2):63-79. DOI: 10.30901/2658-6266-2025-2-05

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., Гавриленко Т.А., Чухина И.Г., Гехт М.А., Антонова О.Ю., Ухатова Ю.В., 2025

Review article

DOI: 10.30901/2658-6266-2025-2-05

## Genetic Passports: Science for the Economy

Elena K. Khlestkina<sup>1,2,3</sup>, Tatiana A. Gavrilenko<sup>1</sup>, Irena G. Chukhina<sup>1</sup>, Mark A. Gekht<sup>4</sup>, Olga Yu. Antonova<sup>1</sup>, Yulia V. Ukhatova<sup>1,3</sup>

<sup>1</sup>N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources, St. Petersburg, Russia

<sup>2</sup>Vavilov Society of Geneticists and Breeders, Novosibirsk, Russia

<sup>3</sup>Sirius University of Science and Technology, Research Center of Genetics and Life Sciences, Krasnodar Region, Russia

<sup>4</sup>LLC «Rusid», Krasnodar, Russia

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

In the current difficult conditions of abrupt climate change, sanctions policies, and the challenge of achieving technological leadership by the Russian Federation, the importance of expanding and preserving the genetic diversity of agricultural plants and improving the efficiency of identifying and documenting varieties and hybrids is increasing. The article considers all stages of the development of cultivar identification. Particular attention is paid to the regulation of related issues at the international and national levels, as well as to the improvement of the conceptual apparatus. A note is made that important groundwork for the development of cultivar identification technologies is being created in the course of research planned within the framework of the activities of National Centers for Plant Genetic Resources. The development of modern technologies for genetic certification and the prospects for assembling plant pangenomes make it possible to advance from cultivar identification “4.0” to the implementation of the version “5.0”. The article reviews recent changes in the market of the agro-industrial complex as a factor influencing attention to genetic passports. It was noted that the development of suitable arbitration methods for certification is a major joint effort of both leading centers of excellence in plant biology and plant breeding, and business stakeholders wish to obtain high-quality planting material. The use of such methods will create a solid foundation for preventing the illegal appropriation of intellectual property and can also have a positive impact on the development of related sectors.

**Keywords:** protein markers, genetic passport, plant hybrids, DNA markers, intellectual property, breeding, plant cultivars, cultivar identification

**Acknowledgements:** The work was carried out within the framework of the implementation of the Program of Development of the National Center for Plant Genetic Resources under the Agreement No. 075-02-2025-1584 with the Ministry of Education and Science of Russia dated February 26, 2025.

**For citation:** Khlestkina E.K., Gavrilenko T.A., Chukhina I.G., Gekht M.A., Antonova O.Yu., Ukhatova Yu.V. Genetic Passports: Science for the Economy. *Plant Biotechnology and Breeding*. 2025;8(2):63-79. (In Russ.). DOI: 10.30901/2658-6266-2025-2-05

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., Gavrilenko T.A., Chukhina I.G., Gekht M.A., Antonova O.Yu., Ukhatova Yu.V., 2025

## Введение

Усиливающиеся тенденции изменения климата и его резкие непредсказуемые колебания требуют во избежание необратимой утраты части растительного агробιοобразия надежного сохранения ценных генетических ресурсов растений в условиях *in situ* и *ex situ*. В связи с этим профильные учреждения, занимающиеся созданием, формированием, сохранением, развитием, изучением и использованием биологических (биоресурсных) коллекций, среди прочих задач, все больше усилий отдают развитию методов идентификации образцов (Lyzhin et al., 2019; Gavrilenko, Chukhina, 2020; Pomortsev et al., 2021; Ulyanovskaya et al., 2023; Suprun, 2024; Gavrilenko et al. 2025a; 2025b). Для этого, помимо выполнения требований к обязательным паспортным данным образца<sup>1</sup>, особое внимание уделяется вопросам генетической идентификации.

С другой стороны, существующий сегодня конституционно-правовой режим биологических (биоресурсных) коллекций уже предполагает их развитие в условиях надежной защищенности (Federal Law, 2024; Kabyshev, 2025). Утвержденный недавно правовой статус биологических коллекций стимулирует развитие исследований по идентификации образцов для их более надежного сохранения. Этому уделяется внимание в Программах развития Национальных центров генетических ресурсов растений (On approving the Program, 2023).

Одновременно, в статье 17 Федерального закона от 30.11.2024 №428-ФЗ "О биоресурсных центрах и биологических (биоресурсных) коллекциях и о внесении изменений в статью 29 Федерального закона "О животном мире" (Federal Law, 2024) предусмотрено взаимодействие между биологическими коллекциями и субъектами, создающими селекционные достижения: «...до получения патента на изобретение или селекционное достижение осуществляется обязательное депонирование полученного биологического образца в национальном центре генетических ресурсов, определяемом Правительством Российской Федерации. Указанный биологический образец включается в национальную коллекцию особо ценных образцов генетических ресурсов...».

Фиксация в национальной коллекции физических носителей генетической информации каждого нового отечественного сорта/ гибрида растений имеет три важнейших следствия:

1) обеспечивается сохранение физического носителя отечественного селекционного достижения как части национальной коллекции, формирование и сохранение которой имеют научные<sup>2</sup>, социокультурные и природоохранные аспекты;

2) обеспечивается основа для защиты интеллектуальных прав селекционера;

3) формируется часть системного подхода для гарантированного сохранения сортовой чистоты и генетической целостности семенного материала селекционного достижения, а это напрямую связано с качеством производимой продукции.

Таким образом, Федеральный закон от 30.11.2024 №428-ФЗ "О биоресурсных центрах и биологических (биоресурсных) коллекциях и о внесении изменений в статью 29 Федерального закона "О животном мире", защищая приоритетным образом публичные интересы<sup>3</sup>, вместе с тем имеет стратегическое значение и для экономики.

Для включения в коллекцию селекционное достижение должно быть паспортизовано (важно не путать паспортизацию биологического образца при включении в коллекцию<sup>1</sup> с генетической паспортизацией). Генетическая же паспортизация селекционных достижений предусмотрена другим федеральным законом – «О семеноводстве» (Federal Law, 2021).

Генетическая паспортизация и сортовая идентификация необходимы не только для защиты интеллектуальных прав селекционеров, но и для контроля за качеством семенного материала, используемого в товарном производстве, что имеет своей целью оздоровление и повышение эффективности процессов в реальном секторе экономики и одновременно развитие отечественной селекции.

Каков будет в конечном счете генетический паспорт? Ответ на этот вопрос рождается в процессе взаимодействия науки, власти и бизнеса. Диалог ведется длительное время – срок начала внедрения системы генетических паспортов, предусмотренного федеральным законом

<sup>1</sup> Паспортные данные образца коллекции генетических ресурсов растений которые включают номер учреждения-держателя образца, номер учреждения-донора образца, страну/район происхождения, таксономическую принадлежность, название, дату включения в коллекцию, место сбора и его характеристику, в том числе географические координаты, статус образца, жизненную форму образца, места и годы репродукций, даты закладки на определенные типы хранения и иные значимые сведения способствующие идентификации образца. Привязанное к этому понятие «паспортизованный» заложено в определении «образец биологической (биоресурсной) коллекции – биологический образец, паспортизованный и поставленный на учет в биологической (биоресурсной) коллекции» (пп 17 статьи 2 Федерального закона 428-ФЗ от 30.11.2024 (Federal Law, 2024)).

<sup>2</sup> Образцы коллекций – это модели для сравнительных генетических, геномных и иных исследований, а также исходный материал для создания будущих селекционных достижений. Все новые селекционные достижения так или иначе базируются на комбинировании генетического материала ранее созданных селекционных достижений. Успешность этого процесса обусловлена традициями доступа к предшествующим селекционным достижениям, который в настоящее время урегулирован законодательно как на национальном (пп 1-12 статьи 17 Федерального закона от 30.11.2024 № 428-ФЗ (Federal Law, 2024), так и на международном уровне (FAO, 2009)

<sup>3</sup> Биологические (биоресурсные) коллекции Российской Федерации выступают одним из наиболее значимых элементов общенационального достояния, что является доминантной, системообразующей идеей в конституционной методологии построения их правового регулирования, в котором должен обеспечиваться безусловный приоритет публичных интересов (Kabyshev, 2025).

«О семеноводстве» откладывается (Order, 2025). За это время кардинальные изменения на рынке АПК породили неподдельный интерес к проблеме генетической паспортизации сортов и гибридов со стороны участников реального сектора экономики. Возможно, именно заинтересованность со стороны агробизнеса и сможет стать еще одним драйвером для успешного развития и внедрения в практику генетической паспортизации сортов и гибридов.

### **Изменения на рынке как драйвер внимания к генетическим паспортам**

С момента перехода российской экономики на рыночные рельсы большинство участников рынка, исходя из господствующей в те времена идеи встраивания в глобальную экономику, начали стремительно внедрять иностранные технологии и средства производства. Отрасль сельского хозяйства, а также связанные с ней селекция и генетика, не стали исключением.

Как итог, по состоянию на конец 2020 года, доля семян российской селекции в случае таких культур, как подсолнечник, кукуруза, рапс, картофель, сахарная свекла и ряда других особо важных культур, существенно отставала от закрепленного в доктрине продовольственной безопасности индикатора в 75%<sup>4</sup>. Так, на иностранную продукцию приходилось порядка 80% доли рынка семян подсолнечника и 55% рынка семян кукурузы, а на рынке семян сахарной свеклы этот показатель достигал почти 99%<sup>5</sup>.

Начиная с 2022 года, в связи с существенным обострением геополитической обстановки, а также с уходом ряда ведущих иностранных производителей семян, стало очевидным, что вопрос обеспечения отрасли растениеводства отечественным семенным материалом стоит отнести к одним из наиболее важных направлений инвестиций не только государства, но и частных предприятий. По данным на 2025 год, спустя три года доля семян российской селекции на рынке подсолнечника и кукурузы превысила 50%<sup>6</sup>. Подобный скачок доли семян российской селекции стал возможен благодаря сочетанию нескольких факторов. Во-первых, существенную роль сыграло появление ряда нормативных правовых актов, таких как правила локализации производства семян (On approving the Rules, 2023), а также внесение изменений в действующий закон о семеноводстве. Более того, правительство ввело квоты на ввоз семян из недружественных стран (Order, 2023), что позволило российским селекционно-семеноводче-

ским компаниям получить доступ к внутреннему потребителю.

В результате, на рынке появилось огромное количество российских производителей, существенно вырос спрос на селекционный материал из государственных учреждений. Таким образом, рынок вступил в следующую фазу собственного развития, намного более капиталоемкую и требовательную к менеджменту, а именно в фазу инвестирования в научные разработки. Но там, где появляются инвестиции в науку, появляется потребность в защите интеллектуальных прав на результаты подобных работ, что подталкивает к необходимости разработки механизмов определения принадлежности селекционных достижений к тому или иному оригинатору.

Сегодня рынок семян подсолнечника оценивается в 45 млрд руб., что позволяет, согласно данным участников рынка, направлять порядка 6-10% выручки на научные разработки. Таким образом, только на рынке подсолнечника объем ежегодных инвестиций может составлять от 2,7 до 4,5 млрд рублей (экспертная оценка Аналитического центра ООО «Русид» на основе статистических данных по посевным площадям и средних цен на посевную единицу). Естественно, особенно актуальным становится вопрос защиты интеллектуальных прав. Об особом внимании к этому вопросу и необходимости создания крепкого фундамента по недопущению кражи или незаконного присвоения интеллектуальной собственности говорит включение круглого стола «Защита интеллектуальной собственности селекционеров как залог привлечения инвестиций в сельское хозяйство» в повестку предстоящего Всероссийского форума по селекции и семеноводству «Русское поле – 2025» (“Russian Field”, 2025).

### **Понятийный аппарат в сфере сортовой идентификации**

Современные подходы генетической идентификации сортов, гибридов или других образцов генетических ресурсов растений базируются на применении различных методов анализа полиморфизма ДНК (Khlestkina, 2011). До появления ДНК-маркеров этой цели служили белковые (биохимические) маркеры (Konarev et al., 2000) и морфологические признаки, которые при установленном генетическом контроле и стабильном наследовании, могли быть использованы в качестве «классических» генетических маркеров, из которых многие и применяются при проведении испытаний селекционно-го достижения на отличимость, однородность и стабиль-

<sup>4</sup> Показатели по семенам были внесены в Доктрину продовольственной безопасности Российской Федерации (On Approving the Food Security Doctrine, 2020)

<sup>5</sup> Ежегодно в Российской Федерации высевается около 10 млн тонн семян сельскохозяйственных растений, из них 54,5% – семена иностранной селекции кукурузы; сахарной свеклы – 98,5%. Национальный доклад о ходе и результатах реализации в 2020 году Государственной программы развития сельского хозяйства и регулирования рынков сельскохозяйственной продукции, сырья и продовольствия (Order of the Government, 2021); справочно: в 2021 году показатель по сахарной свекле составил 96,6%, в 2022 – 97,2%, в 2023 – 97,%.

<sup>6</sup> Оценка. По оперативным данным ФГИС Семеноводство: доля семян российской селекции на рынке подсолнечника увеличилась до 53%.

ность (Decision of the EEC Board, 2022) по дескрипторам, утвержденным Международным союзом по охране новых сортов растений (Union Internationale pour la protection des obtentions végétales, UPOV, 1994).

Таким образом, когда мы говорим о генетических маркерах, в том числе в контексте применения маркеров для генетической паспортизации, то подразумеваем три поколения таких маркеров (Khlestkina, 2013):

- морфологические маркеры (классические генетические маркеры) – это генетические маркеры, анализируемые на уровне фенотипа растения по стабильно наследуемым (независимо от условий окружающей среды) признакам (то есть классический генетический маркер соответствует гену, аллели которого имеют четко выраженные отличия на уровне фенотипа);

- биохимические (белковые) маркеры – это генетические маркеры, анализируемые на уровне белковых спектров, компоненты которых стабильно наследуются независимо от условий окружающей среды (то есть белковый маркер соответствует гену, аллели которого имеют отличия (разную молекулярную массу) на уровне белкового продукта);

ДНК-маркеры (молекулярные маркеры) – генетические маркеры, анализируемые на уровне ДНК (то есть молекулярный маркер соответствует гену или некодирующему участку генома, разные варианты (аллели) которого отличаются на уровне ДНК).

Генетическую идентификацию селекционных достижений связывают с понятиями «генетический паспорт <сорта, гибрида>», «генетическая паспортизация <сорта, гибрида>».

Понятие «генетический паспорт» в отношении разных объектов от селекционных достижений до индивидуумов (в том числе, человека) – документ, отражающий индивидуальные генетические особенности организма (либо сорта/гибрида/породы/штамма), которые позволяют отличить его генотип от генотипа других организмов (сортов/гибридов/пород/штаммов) конкретного вида (Khlestkina et al., 2022). Это широкое понятие отражает целеполагание создания генетических паспортов и при этом не зависит от применяемых методов исследования, то есть является своего рода «вечным», независимо от того, какие типы генетических маркеров применяются и какие еще могут быть изобретены в будущем. В таблице 1 приведено сравнение двух определений генетического паспорта: для селекционных достижений, исходя из этого общепринятого понимания, и определения, приведенного в законе «О семеноводстве» (Federal Law, 2021). Законодательное определение «генетического паспорта» увязано лишь с одним из возможных методических подходов, а значит актуальность его утрачивается с развитием новых методов генетического маркирования, чему будет посвящен следующий раздел данной статьи, а с другой стороны, такое определение нерационально вычеркивает до сих пор актуальные подходы генетического маркирования, не связанные с анализом ДНК. С другой стороны, оно не

отражает однозначно суть генетического паспорта, что порождает множественное толкование: под это определение подойдут основанные на результатах анализа ДНК документы, представляющие собой и акт проверки сортовой идентичности партии семян, и акт проверки на наличие в образце семян сельскохозяйственного растения генно-инженерно-модифицированных организмов.

Несовершенство понятийного аппарата в законодательном акте может стать существенным фактором, сдерживающим развитие области, связанной с разработкой и внедрением генетических паспортов селекционных достижений. В таблице 1 предлагается универсальный альтернативный вариант существующему.

Немаловажным является и определение того физического носителя, который используется для генетической паспортизации. Из п.11 статьи 20 закона «О семеноводстве» (Federal Law, 2021) «...учреждение ... ведет единую базу генетических паспортов стандартных образцов семян сортов и гибридов сельскохозяйственных растений и формирует банк стандартных образцов семян сортов и гибридов сельскохозяйственных растений...» следует, что для паспортизации используют стандартный образец семян сорта или гибрида. Само это определение в понятийном аппарате не расшифровано, однако определено понятие «банк стандартных образцов семян сельскохозяйственных растений» (см. табл. 1).

Анализ использования понятия «Стандартный образец семян сорта или гибрида» в статье 20 закона «О семеноводстве» (Federal Law, 2021) указывает на то, что под ним понимается образец семян из предоставленной оригинатором партии семян сорта или гибрида при подаче заявки для включения его в государственный реестр сортов и гибридов сельскохозяйственных растений, допущенных к использованию, отобранный в количестве, достаточном для проверки на предмет наличия генно-инженерно-модифицированных организмов и для генетической паспортизации. Вместе с тем, анализ понятия «банк стандартных образцов семян сельскохозяйственных растений» (Federal Law, 2021) указывает на то, что после проведенных лабораторных анализов должна остаться часть семян стандартного образца, включенного в Государственный реестр сортов и гибридов сельскохозяйственных растений, допущенных к использованию, далее – Госреестр, которая будет храниться в банке стандартных образцов семян, вероятно, в качестве арбитражной пробы для депонирования в национальном центре генетических ресурсов. Также п. 13 статьи 17 федерального закона 428-ФЗ от 30.11.2024 (Federal Law, 2024) предписывает депонировать образец селекционного достижения в национальном центре генетических ресурсов. Логично, чтобы источником и этого физического носителя была та же самая партия семян сорта или гибрида, что подается при заявке на включение селекционного достижения в Госреестр. Исходя из вышесказанного, предлагаем ввести понятие «Стандартный образец семян сорта или гибрида» в формулировке, приведенной в таблице 1 (см. табл. 1).

При этом определение «банк стандартных образцов семян сельскохозяйственных растений» в текущей редакции закона «О семеноводстве» связывается с понятием «генетическая коллекция», которое в свою очередь не расшифровывается. Вместе с тем, с принятием в 2024 году федерального закона от 30.11.2024 №428-ФЗ "О биоресурсных центрах и биологических (биоресурсных) коллекциях и о внесении изменений в статью 29 Федерального закона "О животном мире" биологические коллекции имеют четкое определение, знакомство с которым<sup>7</sup> указывает на то, что называть банк стандартных образцов семян сельскохозяйственных растений коллекцией некорректно. Предлагается редакция данного понятия (см. табл. 1) без упоминания слова «коллекция».

Определившись с тем, что такое генетическая паспортизация, к какому физическому носителю она применяется, а именно к стандартному образцу семян сорта или гибрида, и что собой представляет этот стандартный образец, теперь обратимся к вопросу: с чем необходимо сравнивать стандартный образец семян заявленного нового селекционного достижения при проведении генетической паспортизации. При проведении испытаний на отличимость, однородность и стабильность используют сорта-эталон<sup>8</sup>. При генотипировании для создания генетического паспорта нового селекционного достижения технически также нужны «эталонные сорта» для анализа. Отметим только, что в связке со словом «сорт» не только термин «эталонный», но и слова «контрольный» и «стандартный», уже используются в определении другого понятия: «сорт-стандарт» или «стандартный (контрольный) сорт», формулировки которого несколько разнятся в национальных документах<sup>9</sup> и в документах ЕАЭС<sup>10</sup>, но в целом одинаково отражают суть сорта-стандарта, применяемого для сравнения в испытании новых селекционных достижений по хозяйственно полезным признакам. Таким образом, развитие подходов, связанных с сортовой идентификацией, неизбежно вызывает потребность в расширении понятийного аппарата, однако перечень удобных словосочетаний с использованием слов «стандартный», «эталонный», «контрольный», уже исчерпывается.

В завершение обсуждения основных аспектов понятийного аппарата в сфере сортовой идентификации предлагаем уделить внимание понятию «Номенклатурный стандарт сорта». Для этого обратимся к международному кодексу номенклатуры культурных растений

(далее – МКНКР). МКНКР опубликован на английском языке (International Code, 2016) и переведен на русский язык (Chukhina et al., 2021; International Code..., 2021a; 2021b; 2021c; 2021d; 2022). Должным образом оформленный номенклатурный стандарт хранится в международно-признанном научном гербарии (Chukhina et al., 2024). Идея создания генетического паспорта с использованием препарата ДНК, выделенного из образца – номенклатурного стандарта сорта, впервые была предложена сотрудниками ВИР (Gavrilenko, Chukhina, 2020); актуальная информация о ее реализации приведена в этом выпуске (Gavrilenko et al., 2025b). Данный подход имеет ряд преимуществ. Информация, хранящаяся в виде гербарного образца, не устаревает со временем. Ее невозможно подделать. По сути, номенклатурный стандарт – это физический носитель генетической информации селекционного достижения с высокой степенью защиты. Он имеет потенциал применения в качестве арбитражной пробы для защиты прав селекционера, причем на международном уровне.

### Этапы развития сортовой идентификации

Сортовая идентификация ведет свое начало с конца XIX века. Методическая база для решения этой задачи стремительно развивается. Сегодня мы имеем дело с методическими подходами пятого поколения (табл. 2). Главная задача селекционера – защитить свое интеллектуальное достижение, соблюдая разумный подход экономии средств, затрачиваемых на анализ. Как разобраться в огромном изобилии подходов и выбрать оптимальный вариант генетической паспортизации? Есть ли отличия в подходах к паспортизации разных культур? Как выбрать наиболее точный и безошибочный метод? Не «разорит» ли он селекционеров?

На рисунке 1 схематично изображены критерии, которые следует учитывать при выборе методики для лабораторной сортовой идентификации. В условиях санкций к ним стоит добавить импортнезависимость по используемым приборам и реактивам. Но самым важным условием является безошибочность подхода. Приведем цитату из резолюции V Вавиловской международной конференции, собравшей к обсуждению более 300 специалистов отрасли: «Впервые проведенная генетическая паспортизация сорта/гибрида с целью установления его генетических

<sup>7</sup> Биологическая (биоресурсная) коллекция – целенаправленно созданный научно систематизированный фонд паспортизованных биологических образцов естественного и (или) искусственного происхождения, обладающих общим набором специфических характеристик, сохраняемый в контролируемых условиях с соблюдением генетической чистоты, целостности и подлинности (аутентичности) материалов и используемый для научной, научно-технической и (или) образовательной деятельности (Federal Law, 2024)

<sup>8</sup> Эталонный сорт (сорт-эталон) – сорт сельскохозяйственного растения, степень выраженности морфологических признаков которого берется за основу (эталон) при испытании сорта на отличимость, однородность и стабильность (Decision of the EEC Board, 2022)

<sup>9</sup> Сорт-стандарт сельскохозяйственного растения – сорт сельскохозяйственного растения, определенный в качестве контрольного по показателям хозяйственно полезных признаков и (или) свойств в конкретных регионах допуска (световых зонах) (Federal Law, 2021)

<sup>10</sup> Стандартный (контрольный) сорт – сорт, ранее включенный в национальный реестр, выделяющийся хозяйственными и биологическими свойствами, в сравнении с которым проводится оценка других сортов (Decision of the EEC Board, 2022)

**Таблица 1. Понятийный аппарат в отношении ключевых терминов, связанных с сортовой идентификацией, по которым требуются уточнения**

**Table 1. Conceptual framework for key terms related to cultivar identification, which require clarification**

<p><b>Определение из закона «О семеноводстве» (при наличии)/ Definition from the Law "On Seed Production" (if any)</b></p>	<p><b>Определение, однозначно отражающее суть данного понятия/ A definition clearly reflecting the essence of this concept</b></p>
<p>Генетический паспорт – документ, созданный на основе молекулярно-генетического анализа семян сорта или гибрида сельскохозяйственного растения<sup>11</sup></p>	<p>Генетический паспорт – документ, отражающий индивидуальные генетические особенности селекционного достижения, которые позволяют отличить его генотип от генотипа других селекционных достижений данной сельскохозяйственной культуры</p>
<p>Стандартный образец семян сорта или гибрида – <b>НЕТ ОПРЕДЕЛЕНИЯ</b></p>	<p>Стандартный образец семян сорта или гибрида – образец семян из предоставленной оригинатором партии семян сорта или гибрида при подаче заявки для включения его в государственный реестр сортов и гибридов сельскохозяйственных растений, допущенных к использованию, отобранный в количестве, достаточном для проверки на предмет наличия генно-инженерно-модифицированных организмов<sup>12</sup>, для генетической паспортизации<sup>13</sup>, для хранения арбитражной пробы<sup>14</sup>, для депонирования в национальном центре генетических ресурсов<sup>15</sup></p>
<p>Банк стандартных образцов семян сельскохозяйственных растений – генетическая коллекция сортов и гибридов сельскохозяйственных растений, включенных в Государственный реестр сортов и гибридов сельскохозяйственных растений, допущенных к использованию</p>	<p>Банк стандартных образцов семян сельскохозяйственных растений – стандартные образцы семян сортов и гибридов сельскохозяйственных растений, включенных в Государственный реестр сортов и гибридов сельскохозяйственных растений, допущенных к использованию</p>

особенностей, которые позволят отличить в дальнейшем его генотип от генотипа других сортов/гибридов данного вида, навсегда свяжет наименование селекционного достижения с определенным генотипом. Любая ошибка в процессе генотипирования повлечет за собой в дальнейшем необратимые последствия вплоть до приостановки оборота семян сорта/гибрида. Поэтому высокая точность методического подхода при первичной генетической паспортизации селекционного достижения имеет огромное значение» (Khlestkina et al., 2022).

Хронология некоторых событий в развитии методов сортовой идентификации с акцентом на отечественный опыт приведена в таблице 2.

В 1894 году было создано Бюро по прикладной ботанике – будущий ВИР, в том числе с целью инвентаризо-

вать и описать, что растет на производственных полях Российской империи. Для описания сортов использовали ботаническую номенклатуру, привлекая к работе в Бюро специалистов из Императорского ботанического сада. Описание сопровождалось сбором физических носителей информации – образцов семян, колосьев, гербарных листов (Regel, 1915). Именно с этих сборов в начале XX века и стартовала работа по формированию двух крупнейших коллекций мирового значения, держателем которых сегодня является ВИР:

- коллекция мировых генетических ресурсов культурных растений и их диких родичей (Коллекция ВИР) – одна из крупнейших в мире по ботаническому, генетическому, географическому и экологическому разнообразию входящих в нее образцов;

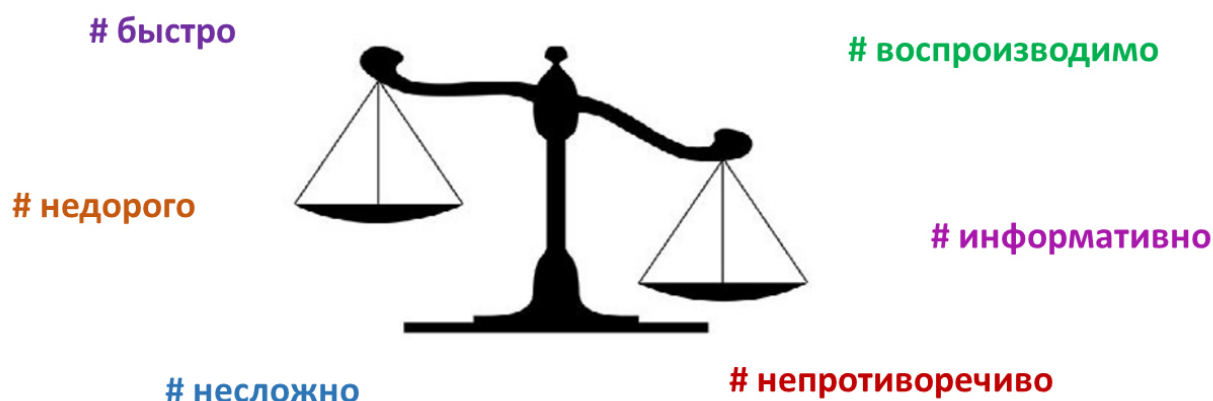
<sup>11</sup> Согласно закону «О семеноводстве» молекулярно-генетический анализ семян сельскохозяйственных растений – это анализ образца ДНК сорта или гибрида сельскохозяйственного растения (Federal Law, 2021)

<sup>12</sup> Следует из п.3 статьи 20 федерального закона 454-ФЗ от 30.12.2021 (Federal Law, 2021)

<sup>13</sup> Следует из п.11 статьи 20 федерального закона 454-ФЗ от 30.12.2021 (Federal Law, 2021)

<sup>14</sup> Арбитражная проба – физический носитель генетической информации о сорте/гибриде, оставляемый на длительное хранение на случай истребования для решения арбитражных споров

<sup>15</sup> Следует из п.13 статьи 17 федерального закона 428-ФЗ от 30.11.2024 (Federal Law, 2024)



**Рис. 1. Схематичное изображение критериев выбора методов лабораторной сортовой идентификации**

**Fig. 1. Schematic representation of criteria for selecting methods of laboratory cultivar identification**

- гербарная коллекция «Гербарий культурных растений мира, их диких родичей и сорных растений Федерального исследовательского центра Всероссийского института генетических ресурсов растений имени

Н.И. Вавилова» (Гербарий ВИР) – одна из крупнейших в мире, специализирующихся на возделываемых растениях, соответствующая статусу специализированного гербария мирового значения.

**Таблица 2. Хронология некоторых событий в развитии методов сортовой идентификации: акцент на отечественный опыт**

**Table 2. Chronology of some events in the development of cultivar identification methods: emphasis on domestic experience**

Период/ Period	Достижения каких направлений биологии были приняты за основу/ Areas of biology achievements, which were taken as a basis	Год/ Year	Событие(ия)/ Event(s)	Значение, комментарии/ Essence, comments	Ссылка (и)/ Reference (s)
I	Ботаника	1894	Создание при Ученом комитете Министерства земледелия и государственных имуществ Российской империи Бюро по прикладной ботанике	Создание Бюро с привлечением специалистов из Императорского Санкт-Петербургского ботанического сада положило начало систематической работе по изучению и оценке разнообразия сельскохозяйственных культур на территории нашей страны	The Agricultural Agency ..., 1914
		1906	Представленное заведующим Бюро Р.Э. Регелем на Всемирной выставке в Милане обширное собрание образцов ячменей в виде зерен и колосьев получило высшую награду выставки	Помимо описания разнообразия культур, Бюро положило начало сбору физических носителей – семян, колосьев. Также создавались гербарные образцы.	Regel, 1915



Период/ Period	Достижения каких направлений биологии были приняты за основу/ Areas of biology achievements, which were taken as a basis	Год/ Year	Событие(ия)/ Event(s)	Значение, комментарии/ Essence, comments	Ссылка (и)/ Reference (s)
I		1924	Создание Государственной сети испытания сельскохозяйственных культур. Методическое руководство сортоиспытанием со стороны ВИР.	Впервые разработана научно обоснованная система сортоиспытания (отметим, как звучала постановка одного из ключевых программных пунктов института, обозначенных Н.И. Вавиловым: «Сортовая перепись по всем культурам и организация планомерного государственного сортоиспытания...»)	Goncharov, 2009
		1930-1950	Издание руководств по апробации сортов всех основных культур	Создание методических основ и наработка базы данных о характеристиках сортов по стабильно наследуемым морфологическим признакам стало основой испытаний, которые сегодня известны как испытания на отличимость, однородность, стабильность	Руководства по апробации сельскохозяйственных культур/ Guides to testing agricultural crops (Guide, 1947; 1948; 1949a; 1949b; 1950; 1954; 1960; 1966)
II	Классическая генетика и ботаника	1961	Создан международный союз по охране новых сортов растений (UPOV). Стало возможным признание членами Союза новых селекционных достижений при условии их отличимости от существующих общеизвестных сортов, однородности и стабильности.	Создание международно-признанного перечня стабильно наследуемых морфологических признаков (дескрипторов) для разных культур, по сути, стало признанием на международном уровне подходов к сортовой идентификации при помощи генетических маркеров	UPOV, 1994
III	Биохимическая генетика и классическая генетика	1970	Первые работы о белковых маркерах пшеницы	Предложен принципиально новый тип генетических маркеров, подходящий для лабораторного анализа. Цикл работ (от разработки в научной лаборатории до внедрения нового метода сортового контроля) поставлен в кратчайшие сроки (Konarev et al., 1979b). За этот период и в последующие годы была накоплена обширная база данных о характеристиках сортов по стабильно наследуемым белковым спектрам. Предложены (Konarev et al., 2000; Pomortsev et al., 2004) и продолжают по сей день развиваться (например, Eggi et al., 2025) методики сортовой идентификации при помощи белковых маркеров для широкого спектра культур.	Konarev et al., 1970
		1972	Подана первая заявка на способ сортовой идентификации при помощи белковых маркеров		Konarev et al., 1976
		1975	О белковых маркерах доложено на заседании IBPGR <sup>16</sup>		Персональное сообщение Конарева А.В./ Konarev A.V. personal communication
		1979	Опубликованы работы о белковых маркерах для сортовой идентификации ячменя		Konarev et al., 1979a
		1980	Разработанные в ВИР методы сортовой идентификации по белкам рекомендованы 19-м конгрессом ISTA <sup>17</sup>		Konarev, 2002

<sup>16</sup> International Board for Plant Genetic Resources – Международный совет по генетическим ресурсам растений

<sup>17</sup> International Seed Testing Association (ISTA) – Международная ассоциация по тестированию семян

Период/ Period	Достижения каких направлений биологии были приняты за основу/ Areas of biology achievements, which were taken as a basis	Год/ Year	Событие(ия)/ Event(s)	Значение, комментарии/ Essence, comments	Ссылка (и)/ Reference (s)
IV	Молекулярная генетика и классическая генетика	1983	Вышла первая работа об использовании ДНК-маркеров для идентификации сортов	Впервые обосновано использование методов анализа полиморфизма ДНК для сортовой идентификации	Soller, Beckmann, 1983
		1998	Опубликована первая генетическая карта SSR <sup>18</sup> маркеров пшеницы	Предложен реестр картированных ДНК-маркеров для выбора лучших и последующего создания оптимального набора маркеров для генетической паспортизации пшеницы	Röder et al., 1998
		2003	Впервые с использованием SSR маркеров изучен полиморфизм отечественных сортов картофеля и проанализированы дублетные образцы сортов из разных коллекций (Antonova et al., 2003).	Интерпретация разработанных в этот период подходов требовала навыков и опыта научного сотрудника. В качестве стандартных арбитражных методик, доступных для операторов, имеющих квалификацию уровня лаборанта или техника, в дальнейшем будут предложены более продвинутые наборы SSR маркеров, отобранные при помощи подходов <i>in silico</i> на основе геномных и пангеномных данных (следующее поколение маркеров)	Antonova et al. 2003
		2004	Впервые проведена сортовая идентификация отечественной пшеницы при помощи SSR маркеров и предложена форма генетического паспорта		Khlestkina et al., 2004
V	Геномика, цифровизация, молекулярная генетика, классическая генетика, ботаника	2011	Расшифрован геном картофеля	Возможность для разработки улучшенных наборов ДНК-маркеров, подходящих для сортовой идентификации	The Potato Genome Sequencing Consortium, 2011
		2014	Первые пангеномы растений		Golicz et al., 2016
		2018	Расшифрован геном пшеницы (собран золотой стандарт)		IWGSC, 2018
		2020	Начата системная работа по оформлению номенклатурных стандартов сортов и их генетической паспортизации	Предложена комплексная стратегия регистрации сортового генофонда в генбанках, в рамках которой впервые было предложено разрабатывать генетические паспорта сортов с использованием препаратов ДНК, выделенных из номенклатурных стандартов. В дальнейшем этот подход ускорил совместную с ФИЦ картофеля подготовку проекта первого ГОСТ по определению сортовой идентичности на основе молекулярно-генетического анализа полиморфизма SSR- локусов (на примере сортов картофеля). Выработан слаженный механизм взаимодействия центров компетенций по селекции и генетике, необходимый для такой комплексной задачи. Этот успешный опыт, несомненно, может быть распространен на более широкий перечень культур.	Gavrilenko, Chukhina, 2020

<sup>18</sup> SSR – simple sequence repeats (простые повторяющиеся последовательности или микросателлиты), их анализ основан на применении полимеразной цепной реакции (ПЦР), из всех предложенных ПЦР-маркеров они получили широкое распространение в изучении генетического сходства/ отличий между сортами самых разных культур

Тридцать лет спустя в 1924 году создается Государственная сеть испытания сельскохозяйственных культур, методическое руководство сортоиспытанием вверяется ВИР – правопреемнику Бюро (Goncharov, 2009). Следующие несколько десятилетий знаменуются развитием теоретических основ селекции и созданием базы данных, содержащей характеристики сортов со стабильно наследуемыми морфологическими признаками, что является основой испытаний на отличимость и однородность (см. табл. 2).

Фиксацией наработанного в нашей и в других странах опыта сортовой идентификации при помощи первых классических генетических маркеров – морфологических (см. табл. 2) – ознаменован переход на следующий этап сортовой идентификации, «сортовая идентификация 2.0», который до сих пор остается основным.

Далее, в кратчайшие сроки, за одно десятилетие, удалось реализовать полный цикл от разработки в научной лаборатории до внедрения на международном уровне нового метода сортового контроля для нового поколения маркеров – биохимических, а именно белковых (см. табл. 2). За этот период и в последующие годы была накоплена обширная база данных, включающая в себя характеристики сортов по стабильно наследуемым белковым спектрам, предложены методики для изучения широкого спектра культур (Konarev et al., 2000, Pomortsev et al., 2004). Таким образом, в дополнение к продолжающимся использоваться подходам поколения «2.0» получили развитие и были внедрены методы «3.0».

В конце прошлого века появляются подающие надежду молекулярно-генетические методы, основанные на анализе полиморфизма кодирующих и не кодирующих последовательностей ДНК. Они позволили произвести настоящий прорыв в частной генетике растений, а также широко стали применяться для ускоренного отбора селекционного материала с заданными признаками, в основном для признаков с моно- и олигогенным контролем. Среди ДНК-маркеров наиболее широкое распространение в изучении генетической изменчивости среди сортов самых разных культур получили SSR-маркеры<sup>18</sup>. Только исследования генофонда пшениц разного происхождения, выполненные в лабораториях разных стран с применением SSR-маркеров, исчисляются многими сотнями. Почти во всех работах используется сходный набор динуклеотидных микросателлитов. В качестве примера можно привести одну из ранних работ по изучению отечественных сортов (Khlestkina et al., 2004). Успешно применяемый в научных лабораториях метод SSR-анализа, однако, так и не дошел до внедренного арбитражного метода, который может быть использован операторами более низкой квалификации и с меньшим опытом работы, чем у специализирующихся на микросателлитном анализе научных сотрудников. Причина в сложности интер-

претации аллелей, близких по длине. Аналогичные проблемы возникали и в случае исследований, проводимых на других культурах. Вместе с тем, по уровню выявляемого полиморфизма, по воспроизводимости результатов, получаемых в разных научных лабораториях, и по относительной дешевизне анализа, SSR-маркеры оказались вне конкуренции. Для сортовой идентификации пшеницы в 2018 году профильная рабочая группа UPOV все-таки рекомендовала SSR-маркеры. Однако секвенирование и сборка в 2018 году полного генома пшеницы и последующее создание пангенома дает возможность от сортовой идентификации «4.0» перейти к версии «5.0». Доступные геномные данные позволяют *in silico* подбирать тетра- и пентануклеотидные микросателлиты, на основе которых можно сделать наборы, удобные для арбитражных целей, не требующие столь высокой квалификации оператора, как динуклеотидные маркеры предыдущего поколения. Секвенирование пангеномов, предусмотренное в программе развития Национального центра генетических ресурсов растений (On approving the Program, 2023), также создает основу для дальнейшей разработки методов сортовой идентификации поколения «5.0» для других культур. Схематично роль геномных и цифровых подходов для сортовой идентификации изображена на рисунке 2.

Что дают сегодня геномные и цифровые технологии, кроме вышесказанного? Массивы данных по тестам на отличимость, однородность и стабильность, а также массивы данных по белковым спектрам – всё это сегодня нуждается в оцифровке. Сведения о любом сорте могут быть перекодированы из сложных формул в бинарные системы, что в общем виде представлено на рисунке 3. В этом формате при использовании больших массивов данных за весь период госрегистрации можно проводить сравнения, проследить историю создания разных селекционных достижений. Это – ценнейшая информация, которая будет доступна в результате цифровизации.

И, наконец, сегодня появилась возможность проводить работы по оцифровке номенклатурных стандартов – физических носителей генетической информации селекционных достижений с высокой степенью защиты, о которых говорилось в предыдущем разделе, применить к ним методы автоматизированного анализа изображений, а также современного изучения ДНК вплоть до высокопроизводительного секвенирования.

Главный итог использования всех этих возможностей – разработка рациональных подходов к генетической паспортизации, в том числе на основе комбинаций методов из разных поколений сортовой идентификации, и к фиксации физического носителя для её проведения. Кроме стандартного образца семян сорта или гибрида, согласно закону «О семеноводстве», или номенклатурного стандарта, согласно МНКР, дополнительным носи-

## Сортовая идентификация

- 1.0 Ботаника
- 2.0 Ботаника + Классическая генетика
- 3.0 Ботаника + Классическая генетика + Биохимическая генетика
- 4.0 Ботаника + Классическая генетика + Биохимическая генетика + Молекулярная генетика
- 5.0 Ботаника + Классическая генетика + Биохимическая генетика + Молекулярная генетика + Геномные и цифровые технологии



Рис. 2. Вклад различных направлений биологии в поэтапное развитие сортовой идентификации

Fig. 2. The contribution of various areas of biology to the stage-by-stage development of cultivar identification

телем или хранителем арбитражной информации может быть и образец ДНК. Мы не знаем, какие еще методы анализа появятся годы спустя, так же, как создатели гербарных коллекций в прошлые века не могли и предполо-

жить, что появятся методы выделения ДНК из гербарных образцов и расшифровки хранящейся в них генетической информации.

	маркер 1	маркер 1	маркер 1	маркер 1	маркер 1	маркер 2	маркер 2	маркер 2	маркер 2	маркер N	маркер N	маркер N	маркер N
	аллель M1.1	аллель M1.2	аллель M1.3	аллель M1.4	аллель M1.N	аллель M2.1	аллель M2.2	аллель M2.3	аллель M2.N	аллель MN.1	аллель MN.2	аллель MN.3	аллель MN.N
сорт 1	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1
сорт 2	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	1	0
сорт N	0	1	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0

Рис. 3. Общий вид матрицы бинарного кодирования аллелей любых маркерных локусов, применимого к разным поколениям ДНК-маркеров

«1» – присутствие определенного аллеля, «0» – отсутствие определенного аллеля у конкретного сорта в конкретном маркерном локусе

Fig. 3. General view of the binary matrix for coding alleles of any marker loci, applicable to different generations of DNA markers

“1” – presence of a certain allele, “0” – absence of a certain allele in a specific marker locus of a particular cultivar

### Заключение

Начавшиеся более 100 лет назад научные исследования по сбору, изучению и сохранению коллекций генетических ресурсов растений с самого начала обуславливали и развитие методов сортовой идентификации, что привело к созданию в 1970-х годах лабораторных методов генетической паспортизации, которые динамично развиваются.. Сортовая идентификация «5.0» должна

сегодня строиться на рациональном подходе к генетической паспортизации с использованием всех предыдущих научно-практических наработок и с учетом возможностей современных геномных и цифровых технологий. Во избежание сдерживания развития генетической паспортизации из-за неточных или устаревших формулировок требуется обновление понятийного аппарата. Важна открытость и прозрачность информации по существующим линиям, сортам и гибридам, что также может быть

урегулировано в нормативных актах. И, наконец, разработка подходящих арбитражных методов паспортизации – это большая совместная работа как ведущих центров компетенций в биологии и селекции растений, так и заинтересованного бизнеса, желающего получать качественный посадочный материал. Применение таких методов позволит создать крепкий фундамент для недопущения незаконного присвоения интеллектуальной собственности. Более того, это окажет положительное влияние на развитие смежных отраслей. Так, с учетом необходимости сбора и обработки больших массивов данных, существенный толчок к развитию может получить внедрение искусственного интеллекта и машинного зрения в работе с растениями.

## References/Литература

- Antonova O., Kostina L., Gavrilenko T., Schuler K., Thieme R. Proof of long-term stored potato germplasm by use of molecular markers. In: H. Knupffer H., J. Ochsmann. (eds.). *Rudolf Mansfeld and Plant Genetic Resources. Proceedings of a symposium dedicated to the 100<sup>th</sup> birthday of Rudolf Mansfeld. 2001 October 8-9; Gatersleben, Germany. Schriften zu Genetischen Ressourcen*. Bonn, Germany: Zentralstelle für Agrardokumentation und -information (ZADI), Informationszentrum Biologische Vielfalt (IBV); 2003. Band 22. S. 192-197.
- Chukhina I.G., Bagmet L.V., Dorofeyev V.I., Shmakov A.I., Ukhatova Yu.V. Herbarization of extra valuable specimens included into the National Catalogue of Plant Genetic Resources. *Vavilovia*. 2024;7(4):34-45. [in Russian] (Чухина И.Г., Багмет Л.В., Дорофеев В.И., Шмаков А.И., Ухатова Ю.В. Гербаризация особо ценных образцов, включаемых в национальный каталог генетических ресурсов растений. *Vavilovia*. 2024;7(4):34-45). DOI: 10.30901/2658-3860-2024-4-01
- Chukhina I.G., Miftakhova S.R., Dorofeyev V.I. International code of nomenclature for cultivated plants: on the history of the Russian translation. *Vavilovia*. 2021;4(1):48-54. [in Russian] (Чухина И.Г., Мифтахова С.Р., Дорофеев В.И. Международный кодекс номенклатуры культурных растений: к истории русскоязычного перевода. *Vavilovia*. 2021;4(1):48-54). DOI: 10.30901/2658-3860-2021-1-48-54
- Decision of the EEC Board No. 155 of October 25, 2022. "On Approving Methodological Approaches to Testing Agricultural Plant Varieties within the Eurasian Economic Union" (Resheniye Kollegii YEEK No. 155 ot 25.10.2022 "Ob utverzhdenii Metodicheskikh podkhodov k provedeniyu ispytaniy sortov sel'skokhozyaystvennykh rasteniy v ramkakh Yevraziyskogo ekonomicheskogo soyuza"). *The official internet-portal of legal information (Russian Federation)*. 2022. [in Russian] (Решение Коллегии ЕЭК № 155 от 25.10.2022 «Об утверждении Методических подходов к проведению испытаний сортов сельскохозяйственных растений в рамках Евразийского экономического союза» (Дата публикации 27.10.2022). *Официальный портал правовых актов ЕАЭС*. 2022). URL: <https://docs.eaunion.org/documents/399/7014/> [дата обращения: 14.03.2025].
- Eggi E.E., Aleksandrova T.G., Konarev A.V. Identification of vetch species of the genus *Vicia* L. by the composition of the IIS globulin basic polypeptides of seeds using *V. narbonensis* complex and *V. pannonica* Crantz as an example. *Plant Biotechnology and Breeding*. 2025;8(1):33-45. [in Russian] (Егги Э.Э., Александрова Т.Г., Конарев А.В. Идентификация видов вики рода *Vicia* L. по составу основных полипептидов IIS глобулина семян на примере *V. narbonensis* complex и *V. pannonica* Crantz. *Биотехнология и селекция растений*. 2025;8(1):33-45). DOI: 10.30901/2658-6266-2025-1-01
- FAO. International Treaty on Plant Genetic Resources for Food and Agriculture. Official site of Food and Agriculture Organization of the United Nations. 2009. Available from: <https://openknowledge.fao.org/server/api/core/bitstreams/a9d0de2a-8e98-4f75-98a8-673078841030/content> [accessed May 22, 2025] (ФАО. Международный договор о генетических ресурсах растений для производства продовольствия и ведения сельского хозяйства. *Официальный портал Продовольственной и Сельскохозяйственной Организации Объединенных Наций*. 2009). URL: <https://openknowledge.fao.org/server/api/core/bitstreams/490c703b-7e05-4bf5-bfdf-40094705ae7f/content> [дата обращения: 22.05.2025].
- Federal Law No. 454-FZ of December 30, 2021 «On Seed Production» (Federal'nyi zakon No. 454-FZ ot 30.12.2021 No. 454-FZ «O semenovodstve»). *The official internet-portal of legal information (Russian Federation)*. 2021. [in Russian] (Федеральный закон от 30.12.2021 № 454-ФЗ «О семеноводстве») *Официальный портал правовых актов*. 2021). URL: <http://publication.pravo.gov.ru/Document/View/0001202112300119?ysclid=mephr4f0i1351364733> [дата обращения: 14.03.2025].
- Federal Law No. 428-FZ dated November 30, 2024 «On Bioresource Centers and Biological (Bioresource) Collections» and on Amendments to Article 29 of the Federal Law «On the Animal World» (Federal'nyi zakon No. 428-FZ ot 30.11.2024 «O bioresursnykh tsentrakh i biologicheskikh (bioresursnykh) kollektsiyakh» i o vnesenii izmeneniy v stat'yu 29 Federal'nogo zakona O zhivotnom mire). *The official internet-portal of legal information (Russian Federation)*. 2024. [in Russian] (Федеральный закон № 428-ФЗ от 30.11.2024 «О биоресурсных центрах и биологических (биоресурсных) коллекциях» и о внесении изменений в статью 29 Федерального закона «О животном мире»). *Официальный интернет-портал правовой информации*. 2024). URL: <http://publication.pravo.gov.ru/document/0001202411300018> [дата обращения: 14.03.2025].
- Gavrilenko T.A., Antonova O.Yu., Rybakov D.A., Oskina N.A. Certificate of state registration of the database No. 2025623098. The Russian Federation. Allelic composition of 8 chromosome specific microsatellite loci in 109 domestic potato varieties (Svidetel'stvo o gosudarstvennoy registratsii bazy dannykh № 2025623098. Rossiyskaya Federatsiya. All'nyi sostav 8 khromosompetsifichnykh mikrosatellitnykh lokusov u 109 otechestvennykh sortov kartofelya): declared 23.06.2025 / declarant N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources. [preprint] 2025a. [in Russian] (Гавриленко Т.А., Антонова О.Ю., Рыбаков Д.А., Оскина Н.А. Свидетельство о государственной регистрации базы данных № 2025623098. Российская Федерация. Аллельный состав 8 хромосомспецифических микросателлитных локусов у 109 отечественных сортов картофеля: заявл. 23.06.2025 / заявитель Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова). [в печати] 2025a).
- Gavrilenko T.A., Chukhina I.G. Nomenclatural standards of modern Russian potato cultivars preserved at the VIR herbarium (WIR): A new approach to cultivar gene pool registration in a genebank. *Plant Biotechnology and Breeding*. 2020;3(3):6-17. [in Russian] (Гавриленко Т.А., Чухина И.Г. Номенклатурные стандарты современных российских сортов картофеля, хранящиеся в гербарии ВИР (WIR): новые подходы к регистрации сортового генофонда в генбанках. *Биотехнология и селекция растений*. 2020;3(3):6-17). DOI: 10.30901/2658-6266-2020-3-02
- Gavrilenko T.A., Chukhina I.G., Antonova O.Yu., Ukhatova Yu.V., Khlestkina E.K. Development of Integrated strategy for registration of cultivar gene pools in Genebanks – improving methods of genetic profiling and cultivar identification. *Plant Biotechnology and Breeding*. [preprint] 2025b. [in Russian] (Гавриленко Т.А., Чухина И.Г., Антонова О.Ю., Ухатова Ю.В., Хлесткина Е.К. Развитие Комплексной стратегии регистрации сортового генофонда в генбанках – совершенствование методов генетической паспортизации и сортовой идентификации. *Биотехнология и селекция растений*. [в печати] 2025b).
- Golicz A.A., Batley J., Edwards D. Towards plant pangenomics. *Plant Biotechnology Journal*. 2016;14(4):1099-1105. DOI: 10.1111/pbi.12499

- Goncharov N.P. Heads of Bureau of Applied Botany and founders of Plant State Tasting System. I.K. Zakharov (ed.-in-chief). Novosibirsk: Academic Publishing House "Geo"; 2009. [in Russian] (Гончаров Н.П. Первые заведующие Бюро по прикладной ботанике и организаторы Госсорсетей/ отв. ред. И.К. Захаров. Новосибирск : Академическое изд-во "Гео"; 2009).
- Guide to testing agricultural crops. Vol. 1. Grain crops (wheat, rye, barley, oats) (Rukovodstvo po aprobatsii sel'skokhozyaystvennykh kul'tur. T. 1. Zernovyye kul'tury (pshenitsa, rozh', yachmen', oves)). 5th, rev. and significantly suppl. ed. Moscow: Selkhozgiz; 1947. [in Russian] (Руководство по апробации сельскохозяйственных культур. Т. 1. Зерновые культуры (пшеница, рожь, ячмень, овес). 5-е, перераб. и значит. доп. изд. Москва: Сельхозгиз; 1947).
- Guide to testing agricultural crops. Vol. 2. Cereals and grain legumes (Rukovodstvo po aprobatsii sel'skokhozyaystvennykh kul'tur. T. 2. Krupyanye i zernovyye bobovyye kul'tury). 5th, rev. and significantly suppl. ed. Moscow: Selkhozgiz; 1949a. [in Russian] (Руководство по апробации сельскохозяйственных культур. Т. 2. Крупажные и зерновые бобовые культуры. 5-е, перераб. и значит. доп. изд. Москва: Сельхозгиз; 1949a).
- Guide to testing agricultural crops. Vol. 3. Oilseeds (Rukovodstvo po aprobatsii sel'skokhozyaystvennykh kul'tur. T. 3. Maslichnye kul'tury). 3rd, rev. and significantly suppl. ed. Moscow; Leningrad: Selkhozgiz; 1949b. [in Russian] (Руководство по апробации сельскохозяйственных культур. Т. 3. Масличные культуры. 3-е, перераб. и значит. доп. изд. Москва; Ленинград: Сельхозгиз; 1949b).
- Guide to testing agricultural crops. Vol. 4. Forage plants (Rukovodstvo po aprobatsii sel'skokhozyaystvennykh kul'tur. T. 4. Kormovyye rasteniya). 3rd, rev. and significantly suppl. ed. Moscow; Leningrad: Selkhozgiz; 1950. [in Russian] (Руководство по апробации сельскохозяйственных культур. Т. 4. Кормовые растения. 3-е, перераб. и значит. доп. изд. Москва; Ленинград: Сельхозгиз; 1950).
- Guide to testing agricultural crops. Vol. 5. Vegetable crops and fodder root crops (Rukovodstvo po aprobatsii sel'skokhozyaystvennykh kul'tur. T. 5. Ovoshchnyye kul'tury i kormovyye korneplody). 3rd, rev. and significantly suppl. ed. Moscow; Leningrad: Selkhozgiz; 1948. [in Russian] (Руководство по апробации сельскохозяйственных культур. Т. 5. Овощные культуры и кормовые корнеплоды. 3-е, перераб. и значит. доп. изд. Москва; Ленинград: Сельхозгиз; 1948).
- Guide to testing agricultural crops. Vol. 6. Melons (Rukovodstvo po aprobatsii sel'skokhozyaystvennykh kul'tur. T. 6. Bakhchevyye kul'tury). Moscow; Leningrad: Selkhozgiz; 1954. [in Russian] (Руководство по апробации сельскохозяйственных культур. Т. 6. Бахчевые культуры. Москва; Ленинград: Сельхозгиз; 1954).
- Guide to testing agricultural crops. Cereals and grain crops (Rukovodstvo po aprobatsii sel'skokhozyaystvennykh kul'tur. Zernovyye i krupyanye kul'tury). Moscow: Kolos; 1966. [in Russian] (Руководство по апробации сельскохозяйственных культур. Зерновые и крупажные культуры. Москва: Колос; 1966).
- Guide to testing agricultural crops. New regionally adapted varieties of grain, cereal legumes, oilseeds and forage crops (Rukovodstvo po aprobatsii sel'skokhozyaystvennykh kul'tur. Novyye rayonirovannyye sorta zernovykh, krupyanykh, zernobobovykh, maslichnykh i kormovykh kul'tur). Moscow; 1960. [in Russian] (Руководство по апробации сельскохозяйственных культур. Новые районированные сорта зерновых, крупажных, зернобобовых, масличных и кормовых культур. Москва; 1960).
- International Code of Nomenclature for Cultivated Plants. 9<sup>th</sup> ed. ISHS; 2016. (*Scripta Horticulturae*; 18). Available from: [https://www.ishs.org/sites/default/files/static/sh\\_18\\_Sample\\_chapters.pdf](https://www.ishs.org/sites/default/files/static/sh_18_Sample_chapters.pdf) [accessed May 20, 2025].
- International Code of Nomenclature for Cultivated Plants. Preamble. Division I: Principles. [I.G. Chukhina, S.R. Miftakhova, V.I. Dorofeyev (transl.). Translation of: «International Code of Nomenclature for Cultivated Plants. Ed. 9. *Scripta Horticulturae*. 2016]. *Vavilovia*. 2021a;4(1):55-59. [in Russian] (Международный кодекс номенклатуры культурных растений. Преамбула. Часть I: Принципы: [перевод с английского И.Г. Чухина, С.Р. Мифтахова, В.И. Дорофеев. International Code of Nomenclature for Cultivated Plants. Ed. 9. *Scripta Horticulturae*. 2016] *Vavilovia*. 2021a;4(1):55-59). DOI: 10.30901/2658-3860-2021-1-55-59
- International Code of Nomenclature for Cultivated Plants. Division II: Chapters I, II. [I.G. Chukhina, S.R. Miftakhova, V.I. Dorofeyev (transl.). Translation of: International Code of Nomenclature for Cultivated Plants. Ed. 9. *Scripta Horticulturae*. 2016]. *Vavilovia*. 2021b;4(2):44-57. [in Russian] (Международный кодекс номенклатуры культурных растений. Часть II: Главы I, II. [перевод с английского И.Г. Чухина, С.Р. Мифтахова, В.И. Дорофеев. International Code of Nomenclature for Cultivated Plants. Ed. 9. *Scripta Horticulturae*. 2016]. *Vavilovia*. 2021b;4(2):44-57). DOI: 10.30901/2658-3860-2021-2-44-57
- International Code of Nomenclature for Cultivated Plants. Division II: Chapters III-V. [I.G. Chukhina, S.R. Miftakhova, V.I. Dorofeyev (transl.). Translation of: «International Code of Nomenclature for Cultivated Plants. Ed. 9. *Scripta Horticulturae*. 2016]. *Vavilovia*. 2021c;4(3):40-57. [in Russian] (Международный кодекс номенклатуры культурных растений. Часть II: Главы III-V. [перевод с английского И.Г. Чухина, С.Р. Мифтахова, В.И. Дорофеев. International Code of Nomenclature for Cultivated Plants. Ed. 9. *Scripta Horticulturae*. 2016]. *Vavilovia*. 2021c;4(3):40-57). DOI: 10.30901/2658-3860-2021-3-40-57
- International Code of Nomenclature for Cultivated Plants. Division II: Chapters VI-IX. [I.G. Chukhina, S.R. Miftakhova, V.I. Dorofeyev (transl.). Translation of: International Code of Nomenclature for Cultivated Plants. Ed. 9. *Scripta Horticulturae*. 2016]. *Vavilovia*. 2021d;4(4):38-54. [in Russian] (Международный кодекс номенклатуры культурных растений. Часть II: Главы VI-IX. [перевод с английского И.Г. Чухина, С.Р. Мифтахова, В.И. Дорофеев. International Code of Nomenclature for Cultivated Plants. Ed. 9. *Scripta Horticulturae*. 2016]. *Vavilovia*. 2021d;4(4):38-54). DOI: 10.30901/2658-3860-2021-4-38-54
- International Code of Nomenclature for Cultivated Plants. Division III-VI, Appendix I-IX. [I.G. Chukhina, S.R. Miftakhova, V.I. Dorofeyev (transl.). Translation of: International Code of Nomenclature for Cultivated Plants. Ed. 9. *Scripta Horticulturae*. 2016]. *Vavilovia*. 2022;5(1):41-70. [in Russian] (Международный кодекс номенклатуры культурных растений. Часть III-VI, Приложение I-IX. [перевод с английского И.Г. Чухина, С.Р. Мифтахова, В.И. Дорофеев. International Code of Nomenclature for Cultivated Plants. Ed. 9. *Scripta Horticulturae*. 2016]. *Vavilovia*. 2022;5(1):41-70). DOI: 10.30901/2658-3860-2022-1-41-70
- IWGSC. International Wheat Genome Sequencing Consortium (IWGSC), Borrill P. Shifting the limits in wheat research and breeding using a fully annotated reference genome. *Science*. 2018;361(6403):eaar7191. DOI: 10.1126/science.aar7191
- Kabyshv S.V. Biological (bioresource) collections in a constitutional dimension. *Lex russica*. 2025;78(7):9-19. [in Russian] (Кабышев С.В. Биологические (биоресурсные) коллекции в конституционном измерении. *Lex russica (Русский закон)*. 2025;78(7):9-19). DOI: 10.17803/1729-5920.2025.224.7.009-019
- Khlestkina E.K. Molecular methods of analysis of the structural and functional organization of genes and genomes in higher plants. *Vavilov Journal of Genetics and Breeding*. 2011;15(4):757-768. [in Russian] (Хлесткина Е.К. Молекулярные методы анализа структурно-функциональной организации генов и геномов высших растений. *Вавиловский журнал генетики и селекции*. 2011;15(4):757-768).
- Khlestkina E.K. Molecular markers in genetic studies and breeding. *Vavilov Journal of Genetics and Breeding*. 2013;17(4/2):1044-1054. [in Russian] (Хлесткина Е.К. Молекулярные маркеры в генетических исследованиях и в селекции. *Вавиловский журнал генетики и селекции*. 2013;17(4/2):1044-1054).
- Khlestkina E.K., Loskutov I.G., Batalova G.A., Vishnyakova M.A., Chukhina I.G., Ukhatoeva Y.V., Zavarzin A.A. On the results of the 5th Vavilov International Conference (November 21-25, 2022). *Plant Biotechnology and Breeding*. 2022;5(4):79-89. [in Russian] (Хлесткина Е.К., Лоскутов И.Г., Баталова Г.А., Вишнякова М.А., Чухина И.Г., Ухатова Ю.В., Заварзин А.А.

- Об итогах V Вавиловской международной конференции (21-25 ноября 2022 г., Санкт-Петербург). *Биотехнология и селекция растений*. 2022;5(4):79-89. DOI: 10.30901/2658-6266-2022-4-06
- Khlestkina E.K., Salina E.A., Shumnyi V.K. Genotyping of the native varieties of soft wheat by the microsatellite (SSR) markers. *Agricultural Biology*. 2004;39(5):44-52. [in Russian] (Хлесткина Е.К., Салина Е.А., Шумный В.К. Генотипирование отечественных сортов мягкой пшеницы с использованием микросателлитных (SSR) маркеров. *Сельскохозяйственная биология*. 2004;39(5):44-52).
- Konarev A.V. Adaptive nature of molecular polymorphism and its use in solving problems of plant genetic resources and breeding (Adaptivnyy kharakter molekulyarnogo polimorfizma i yego ispol'zovaniye v reshenii problem geneticheskikh resursov rasteniy i selektsii). *Agrarnaya Rossiya = Agrarian Russia*. 2002;(3):4-11. [in Russian] (Конарев А.В. Адаптивный характер молекулярного полиморфизма и его использование в решении проблем генетических ресурсов растений и селекции. *Аграрная Россия*. 2002;(3):4-11). DOI: 10.30906/1999-5636-2002-3-4-11
- Konarev V.G., Gavrilyuk I.P., Gubareva N.K. Protein markers of the genomes of wheats and their wild relatives. II. Comparative electrophoretic analysis of gliadins (Belkovye markery genomov pshenits i ikh dikikh sorodichey. II. Sravnitelnyy elektroforeticheskiy analiz gliadinov). *Vestnik sel'skokhozyaystvennoy nauki = Bulletin of Agricultural Science*. 1970;(8):109-114. [in Russian] (Конарев В.Г., Губарева Н.К., Гаврилюк И.П. Белковые маркеры геномов пшениц и их диких сородичей. II. Сравнительный электрофоретический анализ глиадинов. *Вестник сельскохозяйственной науки*. 1970;(8):109-114).
- Konarev V.G., Dyagileva G.E., Gavrilyuk I.P., Trofimovskaya A. Ya. Varietal identification of barley by electrophoretic patterns of hordein (Sortovaya identifikatsiya yachmenya po elektroforeticheskim spektram gordeina). *Bulletin of the N.I. Vavilov Institute of Plant Industry*. 1979a;92:30-41. [in Russian] (Конарев В.Г., Дягилева Г.Е., Гаврилюк И.П., Трофимовская А.Я. Сортовая идентификация ячменя по электрофоретическим спектрам гордеина. *Бюллетень Всероссийского научно-исследовательского института растениеводства им. Н.И. Вавилова*. 1979a;92:30-41).
- Konarev V.G., Gavrilyuk I.P., Gubareva N.K. Method for the varietal identification of wheat grain and flour (Sposob sortovoy identifikatsii zerna i muki pshenitsy). Author's Certificate SU 507271 A1 dated March 25, 1976. Application No. 1827284 dated September 1, 1972. [in Russian] (Конарев В.Г., Гаврилюк И.П., Губарева Н.К. Способ сортовой идентификации зерна и муки пшеницы. Авторское свидетельство SU 507271 A1, 25.03.1976. Заявка № 1827284 от 01.09.1972).
- Konarev V.G., Gavrilyuk I.P., Gubareva N.K., Peneva T.I. Seed proteins in genome analysis, cultivar identification, and documentation of cereal genetic resources: a review. *Cereal Chemistry*. 1979b;56(4):272-278.
- Konarev V.G., Gavrilyuk I.P., Gubareva N.K., Alpatyeva N.V., Khakimova A.G., Peneva T.I., Konarev A.V., Konarev A.V., Vvedenskaya O.I., Perchuk I.N., Sidorova V.V., Ivanova D.I., Tarlakovskaya A.M., Eggi E.E., Anisimova I.N., Lesnevich L.A., Farber S.P., Kudryakova N.V., Demkin P.P., Litovchenko M.I. Identification of varieties and registration of the genofond of cultivated plants by seed proteins. St. Petersburg; 2000. [in Russian] (Конарев В.Г., Гаврилюк И.П., Губарева Н.К., Алпатьева Н.В., Хакимова А.Г., Пенева Т.И., Конарев А.В., Конарев А.В., Введенская О.И., Перчук И.Н., Сидорова В.В., Иванова Д.И., Тарлаковская А.М., Егги Э.Э., Анисимова И.Н., Лесневич Л.А., Фарбер С.П., Кудрякова Н.В., Демкин П.П., Литовченко М.И. Идентификация сортов и регистрация генофонда культурных растений по белкам семян. Санкт-Петербург; 2000).
- Lyzhin A.S., Solovchenko A.E. Creation of genetic passports of apple rootstock forms on the basis of microsatellite DNA polymorphism. *Achievements of Science and Technology in Agro-Industrial Complex*. 2019;33(2):11-13. [in Russian] (Лыжин А.С., Соловченко А.Е. Создание генетических паспортов подвойных форм яблони на основе анализа полиморфизма микросателлитных последовательностей ДНК. *Достижения науки и техники АПК*. 2019;33(2):11-13). DOI: 10.24411/0235-2451-2019-10203
- On Approving the Food Security Doctrine of the Russian Federation (Ob utverzhdenii Doktriny prodovol'stvennoy bezopasnosti Rossiyskoy Federatsii): Decree of the President of the Russian Federation No. 20 dated January 21, 2020. *The official internet-portal of legal information (Russian Federation)*. 2020. [in Russian] (Об утверждении Доктрины продовольственной безопасности Российской Федерации: Указ Президента Российской Федерации № 20 от 21.01.2020. *Официальный интернет-портал правовой информации*. 2020). URL: <http://publication.pravo.gov.ru/Document/View/0001202001210021> [дата обращения: 14.03.2025].
- On Approving the Program of Development of the National Center for Plant Genetic Resources for 2023-2030: Order of the Government of the Russian Federation No. 2496-p dated September 16, 2023. (Ob utverzhdenii Programmy razvitiya Natsional'nogo tsentra geneticheskikh resursov rasteniy na 2023-2030 gody: Rasporyazheniye Pravitel'stva Rossiyskoy Federatsii № 2496-r ot 16.09.2023 *The official internet-portal of legal information (Russian Federation)*. 2023. [in Russian] (Об утверждении Программы развития Национального центра генетических ресурсов растений на 2023-2030 годы: Распоряжение Правительства Российской Федерации № 2496-р от 16.09.2023. *Официальный интернет-портал правовой информации*. 2023). URL: <http://publication.pravo.gov.ru/document/0001202309190026?ysclid=mau4c5d96m383812177> [дата обращения: 14.03.2025].
- On approving the Rules for the localization of agricultural seed production in the Russian Federation (Ob utverzhdenii pravil lokalizatsii proizvodstva semyan sel'skokhozyaystvennykh rasteniy na territorii Rossiyskoy Federatsii). Resolution of the Government of the Russian Federation No. 754 dated May 16, 2023. *The official internet-portal of legal information (Russian Federation)*. 2023. [in Russian] (Об утверждении Правил локализации производства семян сельскохозяйственных растений на территории Российской Федерации. Постановление Правительства Российской Федерации № 754 от 16.05.2023. [Дата публикации 19.05.2023]. *Официальный интернет-портал правовой информации*. 2023). URL: <http://publication.pravo.gov.ru/document/0001202305190035?ysclid=mepsc5cc4765688203> [дата обращения: 14.03.2025].
- Order of the Government of the Russian Federation No. 1671-r dated June 19, 2021 (Rasporyazheniye Pravitel'stva Rossiyskoy Federatsii No. 1671-r ot 19.06.2021) *The official internet-portal of legal information (Russian Federation)*. 2021. [in Russian] (Распоряжение Правительства Российской Федерации от 19.06.2021 № 1671-р.; Дата публикации 21.06.2021. *Официальный интернет-портал правовой информации*. 2021). URL: <http://publication.pravo.gov.ru/document/0001202106210033> [дата обращения: 14.03.2025].
- Order of the Ministry of Agriculture of the Russian Federation No. 527 dated May 24, 2023 "On approving the Procedure for introducing temporary restrictions on the import of seeds of agricultural plants into the Russian Federation and (or) establishing additional (special) requirements for the cultivar and sowing (planting) quality indicators of seeds of agricultural plants imported into the Russian Federation" (Prikaz Ministerstva sel'skogo khozyaystva Rossiyskoy Federatsii ot 24.05.2023 No. 527 "Ob utverzhdenii Poryadka vvedeniya vremennykh ogranicheniy na vvoz semyan sel'skokhozyaystvennykh rasteniy v Rossiyskuyu Federatsiyu i (ili) ustanovleniya dopolnitel'nykh (spetsial'nykh) trebovaniy k pokazatelyam sortovykh i posevnykh (posadochnykh) kachestv semyan sel'skokhozyaystvennykh rasteniy, vvozimykh v Rossiyskuyu Federatsiyu). *The official internet-portal of legal information (Russian Federation)*. 2023. [in Russian] (Приказ Министерства сельского хозяйства Российской Федерации от 24.05.2023 № 527 «Об утверждении Порядка введения временных ограничений на ввоз семян сельскохозяйственных растений в Российскую Федерацию и (или) установления

- дополнительных (специальных) требований к показателям сортовых и посевных (посадочных) качеств семян сельскохозяйственных растений, ввозимых в Российскую Федерацию» (Зарегистрирован 01.06.2023 № 73660; дата публикации 01.06.2023) *Официальный интернет-портал правовой информации*. 2023). URL: <http://publication.pravo.gov.ru/document/0001202306010057?ysclid=mepsfreib494589375> [дата обращения: 11.03.2025].
- Order of the Ministry of Agriculture of the Russian Federation No. 186 dated March 25, 2025 “On Amending Clause 2 of the Order of the Ministry of Agriculture of Russia” dated October 26, 2023 No. 814 “On Approving the Form of the Genetic Passport”. (Prikaz Ministerstva sel'skogo khozyaystva Rossiyskoy Federatsii No. 186 ot 25.03.2025. “O vnesenii izmeneniya v punkt 2 prikaza Minsel'khoza Rossii” ot 26 oktyabrya 2023 g. No. 814 “Ob utverzhdenii formy geneticheskogo pasporta”). *The official internet-portal of legal information (Russian Federation)*. 2025. [in Russian] (Приказ Министерства сельского хозяйства Российской Федерации № 186 от 25.03.2025 «О внесении изменения в пункт 2 приказа Минсельхоза России» от 26 октября 2023 г. № 814 «Об утверждении формы генетического паспорта» (Зарегистрирован 29.04.2025 № 82016; дата публикации 30.04.2025) *Официальный интернет-портал правовой информации*. 2025). URL: <http://publication.pravo.gov.ru/document/0001202504300014?ysclid=meprco19up311692867> [дата обращения: 15.05.2025].
- Pomortsev A.A., Kudryavtsev A.M., Upelnik V.V., Konarev V.G., Konarev A.V., Gavrilyuk I.P., Gubareva N.K., Peneva T.I., Sidorova V.V., Berezkin A.N., Malko A.M., Smirnova L.A., Bunin M.S., Kononkov P.F., Gins V.K., Startsev V.I., Dobrutskaya E.G., Farber S.P. Methodology for conducting laboratory variety control in groups of agricultural plants (Metodika provedeniya laboratornogo sortovogo kontrolya po gruppam sel'skokhozyaystvennykh rasteniy). Moscow; 2004. [in Russian] (Поморцев А.А., Кудрявцев А.М., Упельник В.В., Конарев В.Г., Конарев А.В., Гаврилюк И.П., Губарева Н.К., Пенева Т.И., Сидорова В.В., Березкин А.Н., Малько А.М., Смирнова Л.А., Бунин М.С., Кононков П.Ф., Гинс В.К., Старцев В.И., Добруцкая Е.Г., Фарбер С.П. Методика проведения лабораторного сортового контроля по группам сельскохозяйственных растений. Москва; 2004).
- Pomortsev A.A., Lyalina E.V., Tereshchenko N.A., Yakovleva E.Y., Boldyrev S.V., Berezkin A.N., Malko A.M., Androsova O.V. Genetic markers in laboratory variety control of barley (*Hordeum vulgare* L.). *Russian Journal of Genetics*. 2021;57(9):1057-1063. DOI: 10.1134/S1022795421090106
- Regel R.E. Organization and activities of the Bureau of Applied Botany during the first twenty years of its existence (October 27, 1894 - October 27, 1914 (Organizatsiya i deyatelnost' Byuro po prikladnoy botanike za pervoye dvadtsatiletiye ego sushchestvovaniya [27 okt. 1894 - 27 okt. 1914]). *Bulletin of Applied Botany*. 1915;8(4/5):327-723. [in Russian] (Регель Р.Э. Организация и деятельность Бюро по прикладной ботанике за первое двадцатилетие его существования (27 окт. 1894 - 27 окт. 1914). *Труды Бюро по прикладной ботанике*. 1915;8(4/5):327-723).
- Röder M.S., Korzun V., Wendehake K., Plaschke J., Tixier M.-H., Leroy P., Ganal M.W. A microsatellite map of wheat. *Genetics*. 1998;149:2007-2023.
- “Russian Field – 2025” Hosted by: Ministry of Agriculture of the Russian Federation. All-Russian Forum on Breeding and Seed Production (Всероссийский форум по селекции и семеноводству “Русское поле – 2025”). URL: <https://русскоеполефорум.рф/> [дата обращения: 24.05.2025].
- Soller M., Beckmann J.S. Genetic polymorphism in varietal identification and genetic improvement. *Theoretical and Applied Genetics*. 1983;67:25-33. DOI: 10.1007/BF00303917
- Suprun I.I. Multiplex analysis of microsatellite markers in DNA certification of sweet cherry varieties. *Fruit growing and viticulture of South Russia*. 2024;90(6):1-9. [in Russian] (Супрун И.И. Мультиплексный анализ микросателлитных маркеров в ДНК-паспортизации сортов черешни. *Плодоводство и виноградарство Юга России*. 2024;90(6):1-9. DOI: 10.30679/2219-5335-2024-6-90-1-9
- The Agricultural Agency during 75 years of its activity, 1837-1912 (Sel'skokhozyaystvennoye vedomstvo za 75 let yego deyatelnosti, 1837-1912). Petrograd; 1914. [in Russian] (Сельскохозяйственное ведомство за 75 лет его деятельности, 1837-1912 гг. Петроград; 1914).
- The Potato Genome Sequencing Consortium. Genome sequence and analysis of the tuber crop potato. *Nature*. 2011;475(7355):189-195. DOI: 10.1038/nature10158
- Ulyanovskaya E.V., Suprun I.I., Bogdanovich T.V., Chernutskaya E.A., Tokmakov S.V., Talovina G.V. Nomenclatural standards and genetic certificates for apple-tree cultivars developed at the North Caucasian Federal Scientific Center of Horticulture, Viticulture, Wine-making. *Proceedings on Applied Botany, Genetics and Breeding*. 2023;184(4):174-189. [in Russian] (Ульяновская Е.В., Супрун И.И., Богданович Т.В., Чернуцкая Е.А., Токмаков С.В., Таловина Г.В. Номенклатурные стандарты и генетические паспорта сортов яблони селекции Северо-Кавказского федерального научного центра садоводства, виноградарства, виноделия. *Труды по прикладной ботанике, генетике и селекции*. 2023;184(4):174-189. DOI: 10.30901/2227-8834-2023-4-174-189
- UPOV. Guidelines for the conduct of tests for distinctness, uniformity and stability. *International Union for the Protection of New Varieties of Plants (UPOV)*. 1994. Available from: <https://www.upov.int/portal/index.html.en> [accessed May 20, 2025].

### Информация об авторах

**Елена Константиновна Хлесткина**, доктор биологических наук, профессор РАН, член-корреспондент 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](mailto:director@vir.nw.ru), <https://orcid.org/0000-0002-8470-8254>

**Татьяна Андреевна Гавриленко**, доктор биологических наук, главный научный сотрудник, отдел биотехнологии, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова (ВИР), 190000 Россия, Санкт-Петербург, ул. Большая Морская, 42, 44, [tatjana9972@yandex.ru](mailto:tatjana9972@yandex.ru), <https://orcid.org/0000-0002-2605-6569>

**Ирена Георгиевна Чухина**, кандидат биологических наук, ведущий научный сотрудник, отдел агроботаники и *in situ* сохранения генетических ресурсов растений, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова (ВИР), 190000 Россия, Санкт-Петербург, ул. Большая Морская, 42, 44, [i.chukhina@vir.nw.ru](mailto:i.chukhina@vir.nw.ru), <https://orcid.org/0000-0003-3587-6064>

**Марк Андреевич Гехт**, генеральный директор, управляющий партнер RUSEED, ООО «Русид», 350015 Россия, Краснодарский край, Краснодар, ул. им. Янковского, 169, оф. 407-408, 506

**Ольга Юрьевна Антонова**, кандидат биологических наук, ведущий научный сотрудник, заведующая, лаборатория молекулярной селекции и ДНК-паспортизации, отдел биотехнологии, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова (ВИР), 190000 Россия, Санкт-Петербург, ул. Большая Морская, 42, 44, [olgaant326@mail.ru](mailto:olgaant326@mail.ru), <https://orcid.org/0000-0001-8334-8069>



---

**Юлия Васильевна Ухатова**, кандидат биологических наук, заместитель директора, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова (ВИР), 190000 Россия, Санкт-Петербург, ул. Большая Морская, 42, 44, Научно-технологический университет «Сириус», Научный центр генетики и наук о жизни, 354340 Россия, Краснодарский край, Федеральная территория «Сириус», Олимпийский пр., 1, [y.ukhatova@vir.nw.ru](mailto:y.ukhatova@vir.nw.ru), <https://orcid.org/0000-0001-9366-0216>

### ***Information about the authors***

**Elena K. Khlestkina**, Dr. Sci. (Biology), Professor of the Russian Academy of Sciences (RAS), Corr. Member 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](mailto:director@vir.nw.ru), <https://orcid.org/0000-0002-8470-8254>

**Tatjana A. Gavrilenko**, Dr. Sci. (Biology), Chief Researcher, Biotechnology Department, N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources (VIR), 42, 44, Bolshaya Morskaya Street, St. Petersburg, 190000 Russia, [tatjana9972@yandex.ru](mailto:tatjana9972@yandex.ru), <https://orcid.org/0000-0002-2605-6569>

**Irena G. Chukhina**, Cand. Sci. (Biology), Leading 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, [i.chukhina@vir.nw.ru](mailto:i.chukhina@vir.nw.ru), <https://orcid.org/0000-0003-3587-6064>

**Mark A. Gekht**, CEO, Managing Partner of RUSEED, LLC «Rusid», 169, offices 407-408, 506, Yankovsky Street, Krasnodar, Krasnodar Region, 350015 Russia

**Olga Yu. Antonova**, Cand. Sci. (Biology), Leading Researcher, Head, Laboratory of Molecular Breeding and DNA Certification, Department of Biotechnology, N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources (VIR), 42, 44, Bolshaya Morskaya Street, St. Petersburg, 190000 Russia, [olgaant326@mail.ru](mailto:olgaant326@mail.ru), <https://orcid.org/0000-0001-8334-8069>

**Yulia V. Ukhatova**, Cand. Sci. (Biology), Deputy Director, N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources (VIR), 42, 44, Bolshaya Morskaya Street, St. Petersburg, 190000 Russia; Sirius University of Science and Technology, Research Center of Genetics and Life Sciences, 1, Olympic Avenue, Sirius Federal Territory, Krasnodar Region, 354340 Russia, [y.ukhatova@vir.nw.ru](mailto:y.ukhatova@vir.nw.ru), <https://orcid.org/0000-0001-9366-0216>

**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 19.05.2025; одобрена после рецензирования 16.06.2025; принята к публикации 24.06.2025.

The article was submitted on 19.05.2025; approved after reviewing on 16.06.2025; accepted for publication on 24.06.2025.

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](mailto:pbi@vir.nw.ru)

Языки: русский, английский / Languages: Russian, English

Индексируется в РИНЦ (НЭБ), DOAJ, AGRIS, входит в перечень изданий, публикации которых учитываются Высшей аттестационной комиссией России (ВАК РФ) при защите диссертаций на соискание ученых степеней кандидата и доктора наук / Indexed/abstracted by the Russian Science Citation Index on eLIBRARY.RU platform, DOAJ, AGRIS, included in the list of publications recognized by the Russian Higher Attestation Commission (VAK RF) when candidate and doctoral dissertations are defended.

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](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*

Корректоры: *С.В. Шувалов, И.В. Котелкина*

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](mailto:pbi@vir.nw.ru); [i.kotielkina@vir.nw.ru](mailto:i.kotielkina@vir.nw.ru)

**Почтовый адрес редакции**

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

Подписано в печать 27.06.2025.

Дата выхода в свет 30.06.2025.

Формат 70×100<sup>1</sup>/<sub>8</sub>

Бумага офсетная. Печать офсетная.

Печ. л. 10. Тираж 30 экз. Заказ № 385/4. Бесплатно.

Издатель: Федеральное государственное бюджетное научное учреждение  
«Федеральный исследовательский центр  
Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова» (ВИР),  
редакционно-издательский сектор ВИР

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

Отпечатано: 000 «Р-КОПИ»

Россия, 190000, Санкт-Петербург, пер. Гривцова, д. 6, литер Б



БИОТЕХНОЛОГИЯ  
И СЕЛЕКЦИЯ  
РАСТЕНИЙ

8(2), 2025