

- Федеральный исследовательский центр
Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н. И. Вавилова (ВИР)
- Санкт-Петербургское отделение РАН
- Вавиловское общество генетиков и селекционеров (ВОГиС)

ИНФОРМАЦИОННОЕ ПИСЬМО

Конференции «100 лет прикладной генетики растений»

18-19 декабря 2025 года

Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова (ВИР) совместно с Санкт-Петербургским отделением РАН, Вавиловским обществом генетиков и селекционеров (ВОГиС), организует конференцию «100 лет прикладной генетики растений», которая будет проходить в онлайн-режиме 18–19 декабря 2025 года (далее – Мероприятие/Конференция).

В 1924 году Николай Иванович Вавилов преобразует Бюро по прикладной ботанике в Институт, а в 1925 году создает в Институте отдел генетики – первое подразделение по генетике растений в стране на тот момент. Вавилов предлагает молодому ученому Георгию Дмитриевичу Карпеченко возглавить отдел и организовать его работу. Перед Г.Д. Карпеченко и созданным отделом генетики стоит задача направить исследования на раскрытие генетического потенциала разнообразия генетических ресурсов культурных растений и их диких родичей по важнейшим биологическим и агрономическим признакам. Главный подход – сравнительно-генетический, в основе которого концепция Н.И. Вавилова о параллелизме наследственной изменчивости.

Несмотря на последующий «запрет» генетики, исследователи в ВИР после гибели Н.И. Вавилова, с использованием поставленных в отделе методов гибридологического, популяционного, цитогенетического анализа, по сути, продолжали развивать частную генетику. С середины 1960-х происходит возрождение генетики в стране, в ВИР приходит новая плеяда увлеченных молодых генетиков, продолжающиеся исследования в отделе генетики дополняются новыми подходами – до недавнего времени это молекулярно-генетические и геномные, а сейчас – постгеномные методы. Цель конференции – осветить развитие исследований по прикладной генетике в России и обсудить современные достижения в области генетики культурных растений и их диких родичей, а также применение результатов этой деятельности в селекции и для защиты растений.

РАСПИСАНИЕ

18 декабря регистрация слушателей

19 декабря заседания (онлайн)

9.30 – 9.45 открытие конференции

9.45 – 12.45 сессия 1 «Развитие исследований по прикладной генетике в России»

13.45 – 16.00 сессия 2 «Частная генетика для селекции и защиты растений»

ПРОГРАММНЫЙ КОМИТЕТ

Радченко Евгений Евгеньевич – Председатель программного комитета
Абдуллаев Ренат Абдуллаевич – Заместитель председателя программного комитета
Яковлева Ольга Владимировна – Ученый секретарь программного комитета

Члены программного комитета:

Анисимова Ирина Николаевна
Вишнякова Маргарита Афанасьевна
Гавриленко Татьяна Андреевна

Лоскутов Игорь Градиславович
Гаврилова Вера Алексеевна
Швачко Наталия Альбертовна

ОРГАНИЗАЦИОННЫЙ КОМИТЕТ

Хлесткина Елена Константиновна – Председатель организационного комитета
Ухатова Юлия Васильевна – Заместитель председателя организационного комитета
Яковлева Ольга Владимировна – Секретарь организационного комитета

Члены организационного комитета:

Абдуллаев Ренат Абдуллаевич
Алпатьева Наталья Владимировна
Панков Александр Александрович

Таловина Галина Владимировна
Симиряжко Анастасия Николаевна
Чернышева Оксана Александровна

КОНТАКТЫ

E-mail: genetika100@vir.nw.ru

Web-сайт Конференции: <https://www.vir.nw.ru/blog/2025/12/19/genetika2025/>

ВАЖНЫЕ ДАТЫ

1 декабря 2025 г. – окончание подачи заявок на выступление с докладами

18 декабря 2025 г. – окончание подачи заявок слушателей (участие без докладов)

ОРГВЗНОС

Организационный взнос не взимается.

ФОРМЫ ЗАЯВОК

Формы заявок и образец тезисов (только для устных докладов; публикация тезисов слушателей, не выступающих с устными докладами, не предусмотрена) – в приложениях.

С уважением,
Оргкомитет

<ФОРМЫ ЗАЯВОК>

Форма заявки на устный доклад* (заполненную форму направить **до 01.12.2025** на адрес оргкомитета – **genetika100@vir.nw.ru**):

Фамилия _____
 Имя _____
 Отчество _____
 Ученая степень _____
 Должность _____
 Место работы _____
 Секция (выбрать 1 или 2) _____
 Тема доклада _____

 Контактный e-mail _____
 Согласен на обработку персональных данных <подпись>

Образец оформления тезисов доклада приведен в приложении 2 (желательно с иллюстрацией; направить в формате .docx до **01.12.2025** на **genetika100@vir.nw.ru**)

Форма заявки слушателя (заполненную форму направить до **18.12.2025** на **genetika100@vir.nw.ru**):

Фамилия _____
 Имя _____
 Отчество _____
 Ученая степень _____
 Должность _____
 Место работы _____
 Контактный e-mail _____
 Согласен на обработку персональных данных <подпись>

<ОБРАЗЕЦ ОФОРМЛЕНИЯ ТЕЗИСОВ>

ТЕОРЕТИЧЕСКИЕ И ПРИКЛАДНЫЕ АСПЕКТЫ ОТДАЛЕННОЙ
ГИБРИДИЗАЦИИ У ПОДСОЛНЕЧНИКА (*Helianthus* L.)

И. Н. Анисимова, А. В. Любченко, В. А. Гаврилова

Федеральный исследовательский центр «Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова» (ВИР), Санкт-Петербург, Россия, e-mail:

irina_anisimova@inbox.ruTHEORETICAL AND APPLIED ASPECTS OF INTERSPECIFIC HYBRIDIZATION IN
SUNFLOWER (*Helianthus* L.)

I. N. Anisimova, A. V. Lyubchenko, V. A. Gavrilova

Federal Research Center

N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources (VIR), St. Petersburg, Russia, e-mail: irina_anisimova@inbox.ru

Однолетний культурный подсолнечник (*Helianthus annuus* L., $2n = 34$) имеет узкую генетическую основу, что определяет необходимость расширения его генетического разнообразия. В 1935–1938 гг. сотрудник Майкопской опытной станции ВИР Н.А. Щибря впервые сформулировал практические цели межвидовой гибридизации у подсолнечника: «исправление иммунитета» *H. annuus* за счёт высокоустойчивого к болезням многолетнего гексаплоидного *H. tuberosus* (топинамбур, $2n = 102$), а также создание многолетнего подсолнечника, дающего вегетативную массу, клубни и семена. Один из тетраплоидных гибридов *H. tuberosus* $\times$ *H. annuus* ($2n = 68$) с 1935 г. поддерживается в жизнеспособном состоянии на Майкопской опытной станции – филиале ВИР (рисунок).

Рисунок. F_1 (*H. tuberosus* $\times$ *H. annuus*) = Топинсолнечник, $2n = 68$

Результаты анализа конъюгации хромосом в мейозе гибрида *H. tuberosus* $\times$ *H. annuus* позволили предположить, что один из трёх геномов *H. tuberosus* принадлежит однолетнему диплоидному виду, а два других – многолетним представителям рода *Helianthus* (Kostoff, 1939). Эта гипотеза подтверждена данными современных геномных исследований (Wang et al., 2024). Схема геномного состава рода *Helianthus* впервые предложена А.В. Анащенко (1980).

Несовместимость при скрещиваниях, а также стерильность гибридов препятствуют эффективному использованию в селекции генетического потенциала многолетних диких

видов, являющихся источниками комплексной устойчивости к болезням и вредителям подсолнечника. Для преодоления нескрещиваемости *H. annuus* с многолетними видами *Helianthus* использованы различные приемы: подбор пар, воздействие термошоками, предварительное вегетативное сближение, многократное опыление, удвоение числа хромосом, биотехнологические методы. Существенный вклад в селекцию подсолнечника на групповой иммунитет методом отдаленной гибридизации внесли работы, выполненные во Всероссийском НИИ масличных культур. Г.В. Пустовойт (1966) впервые удалось получить устойчивые к патогенам межвидовые гибриды культурного подсолнечника с диплоидными и полиплоидными многолетними видами. На их основе создан ряд сортов, характеризующихся высокой масличностью, устойчивостью к болезням. В ВИРе в 1990–2000-х гг. получена серия интрогрессивных линий однолетнего подсолнечника – производных от скрещиваний ЦМС-линий *H. annuus* с образцами многолетних видов, а также их потомств от анализирующих скрещиваний со стерильной материнской формой (Gavrilova et al., 1998; Гаврилова, Анисимова, 2003). Они отличаются фенотипической однородностью и характеризуются комплексом ценных биологических признаков, предположительно полученных от многолетнего родителя. Уже у гибридов F₁ отмечена стабилизация числа хромосом на диплоидном уровне, независимо от пloidности отцовского вида (Гаврилова и др., 2006). Результаты молекулярно-генетических исследований свидетельствовали о том, что производные межвидовых скрещиваний *H. annuus* с многолетними дикими видами представляют частичные, или «асимметричные» гибриды, в геноме которых преобладает генетический материал культурного подсолнечника (Fauré et al., 2002). Данные сравнительного анализа полиморфизма запасного белка семян гелиантинина – одного из признаков, связанных с синдромом доместикиции у подсолнечника, а также амплифицированных фрагментов ДНК, позволяют предполагать, что изменчивость межвидовых гибридов подсолнечника носит неслучайный характер, обусловлена реорганизацией генома под влиянием «геномного шока», индуцированного межвидовой гибридизацией, и может быть связана с активацией мобильных генетических элементов (Анисимова и др., 2009; Bonchev, Vassilevska-Ivanova, 2019).

Среди наиболее значимых достижений отдаленной гибридизации у подсолнечника в последние десятилетия следует отметить и получение новых источников ЦМС, а также генов восстановления фертильности пыльцы (*Rf*). В литературе сообщается о 72 источниках, подавляющее большинство которых получено на основе отдаленной гибридизации. При создании промышленных гибридов используется преимущественно один источник – ЦМС РЕТ1, полученный из межвидового гибрида *H. petiolaris* × *H. annuus* (Leclercq, 1969). Использование новых источников ЦМС позволяет избежать опасности эпифитотий, связанных с унификацией типа цитоплазмы. Природа генов *Rf*, продукты которых супрессируют фенотип ЦМС у подсолнечника и механизмы восстановления фертильности изучены недостаточно. Известно, что в селекции гибридов подсолнечника широко используется главный ген *Rf1*, локализованный на хромосоме 13. Помимо *Rf1*, группа сцепления 13 содержит большое число генов хозяйственно ценных признаков (устойчивости к ржавчине, ложной мучнистой росе), интрогрессированных из геномов диких видов (*H. tuberosus*, *H. argophyllus*). Все они (включая *Rf1*) находятся внутри сложных локусов, включающих большое число генов-кандидатов. Идентификация гаплотипов в локусах *Rf* (прежде всего, *Rf1*) необходима для разработки эффективных аллель-специфичных маркеров. Трудности при решении этой задачи связаны с большой протяжённостью геномного района, содержащего гены-кандидаты, внутрихромосомными перестройками, сопровождавшими интрогрессии, а также пониженной рекомбинацией в районах, содержащих чужеродные гены.

Работа выполнена в рамках Государственного задания согласно тематическому плану ВИР по проекту № FGEM – 2022-0005 «Растительные ресурсы масличных и прядильных культур ВИР как основа теоретических исследований и их практического использования».