

100 ЛЕТ ПРИКЛАДНОЙ ГЕНЕТИКИ РАСТЕНИЙ



тезисы докладов конференции

Санкт-Петербург
18-19 декабря 2025 г.



Министерство науки и высшего образования Российской Федерации

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

Санкт-Петербургское отделение РАН

Вавиловское общество генетиков и селекционеров (ВОГиС)



100 ЛЕТ ПРИКЛАДНОЙ ГЕНЕТИКИ РАСТЕНИЙ

тезисы докладов конференции

г. Санкт-Петербург, 18–19 декабря 2025 г.

Санкт-Петербург
2025

УДК 575:631.523:633/635(063)

ББК 28.54я431

С81

- С81 **100 лет прикладной генетики растений** : тезисы докладов конференции, г. Санкт-Петербург, 18–19 декабря 2025 г.: научное электронное издание / под общей редакцией Е. К. Хлесткиной ; ответственные редакторы: Е. Е. Радченко, И. Н. Анисимова ; Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова. – Санкт-Петербург : ВИР, 2025. – 57 с. : табл., ил.

ISBN 978-5-907780-27-9

Представлены программа и тезисы научной конференции «100 лет прикладной генетики растений», которая проходила в г. Санкт-Петербурге 18–19 декабря 2025 г. в онлайн-режиме (далее – Мероприятие/Конференция).

Мероприятие организовано Федеральным исследовательским центром Всероссийским институтом генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова (ВИР) совместно с Санкт-Петербургским отделением РАН, Вавиловским обществом генетиков и селекционеров (ВОГиС).

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.

В Конференции приняли участие ведущие отечественные ученые и эксперты.

Для широкого круга исследователей и специалистов, работающих в области генетики растений, в том числе студентов, аспирантов и молодых ученых.

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

Web-сайт Конференции: <https://www.vir.nw.ru/blog/2025/11/05/genetika2025/>

УДК 575:631.523:633/635(063)

ББК 28.54я431

ISBN 978-5-907780-27-9

DOI 10.30901/978-5-907780-27-9

© Федеральный исследовательский центр
Всероссийский институт генетических
ресурсов растений имени Н.И. Вавилова
(ВИР), 2025

© Авторы статей, 2025

© Е. А. Чарушина-Капустина, оформление обложки,
2025

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)

St. Petersburg Branch of the Russian Academy of Sciences

Vavilov Society of Geneticists and Breeders (VOGiS)



100 YEARS OF APPLIED PLANT GENETICS

Conference Abstracts

St. Petersburg, December 18–19, 2025

St. Petersburg, 2025



100 Years of Applied Plant Genetics : Conference Abstracts, St. Petersburg, December 18–19, 2025 : scientific online edition / E. K. Khlestkina (chief ed.) ; E. E. Radchenko, I. N. Anisimova (eds) ; N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources. – St. Petersburg : VIR, 2025. – 57 p. : tab., ill.

ISBN 978-5-907780-27-9

The program and abstracts of the scientific conference *100 Years of Applied Plant Genetics* are presented. It was held online in St. Petersburg on December 18–19, 2025 (hereinafter referred to as the Event/Conference).

The event was organized by the N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources (VIR) in collaboration with St. Petersburg Branch of the Russian Academy of Sciences and the Vavilov Society of Geneticists and Breeders (VOGiS).

In 1924, Nikolay Vavilov transformed the Bureau of Applied Botany into the Institute. In 1925, he established the Department of Genetics within the Institute – the first plant genetics research unit in the country at the time. Vavilov invited the young scientist Georgy D. Karpechenko to be in charge of the department and organize its work. G. D. Karpechenko and the newly established Department of Genetics were tasked with directing the research toward unlocking the genetic potential of the diversity of cultivated plants and their wild relatives for key biological and agronomic traits. The primary approach was associated with comparative genetics, based on N. I. Vavilov's concept of parallelism in hereditary variability.

Despite the subsequent “ban” on genetics, researchers at VIR, after N. I. Vavilov's death, basically continued to develop specialized genetics using the methods of hybridological, population, and cytogenetic analyses established in the department. The mid-1960s was the time of revival for genetics in the country. A new generation of enthusiastic young geneticists came to work at VIR, and the ongoing research in the Department of Genetics was supplemented by new approaches – until recently, molecular genetic and genomic methods, and now, postgenomic methods. The objective of the Conference was to highlight the development of applied genetics research in Russia and discuss current advances in the genetics of cultivated plants and their wild relatives, as well as the application of these findings in plant breeding and protection.

Leading Russian scientists and experts participated in the conference.

For a wide range of researchers and specialists working in the field of plant genetics, including undergraduate and postgraduate students, and young scientists.

Abstracts are published as submitted. The authors (coauthors) of the published abstracts are responsible for the impartiality and reliability of the data presented.

The Conference's website: <https://www.vir.nw.ru/blog/2025/11/05/genetika2025/>

UDC 575:631.523:633/635(063)

ISBN 978-5-907780-27-9

DOI 10.30901/978-5-907780-27-9

© Federal Research Center
the N.I. Vavilov All-Russian Institute
of Plant Genetic Resources (VIR), 2025
© Authors of the abstracts, 2025
© E. A. Charushina-Kapustina, cover design, 2025

ОГЛАВЛЕНИЕ

ПРОГРАММА конференции «100 лет прикладной генетики растений»	7
<i>Хлесткина Е. К.</i> Вступительное слово	11
<i>Анисимова И. Н., Радченко Е. Е.</i> Отдел генетики: славные имена	12
<i>Вишнякова М. А.</i> «Дипломатические почты» Н. И. Вавилова и Г. Д. Карпеченко и их роль в становлении генетических исследований института	16
<i>Абдуллаев Р. А., Анисимова И. Н., Радченко Е. Е.</i> Изучение генетического разнообразия возделываемых растений	18
<i>Швачко Н. А., Лукина К. А., Семилет Т. В., Ковалева О. Н., Шеленга Т. В., Лоскутов И. Г.</i> Применение результатов полногеномного анализа образцов овса из коллекции ВИР для ускоренной селекции сортов с заданными свойствами	20
<i>Нигаматьянов А. Р., Зуев Е. В., Антонова О. Ю., Поротников И. В.</i> Аллельное разнообразие генов <i>Vrn-A1</i> и <i>Vrn-B1</i> в сортах яровой мягкой пшеницы коллекции ВИР из различных регионов России	22
<i>Тырышкин Л. Г.</i> На каких этапах взаимодействия «хозяин – патоген» экспрессируется реакция сверхчувствительности?	25
<i>Баранова О. А., Мироненко Н. В., Коваленко Н. М., Сибикеев С. Н.</i> Анализ ювенильной устойчивости к стеблевой ржавчине и желтой пятнистости интрогрессивных линий яровой мягкой пшеницы	27
<i>Зеленева Ю. В., Колесникова Т. П., Терёхин Н. М.</i> Оценка устойчивости сортов и линий яровой мягкой пшеницы селекции Дальневосточного ГАУ к септориозу, пиренофорозу и темно-бурой пятнистости и идентификация аллелей генов <i>Tsn1</i> и <i>Snn1</i>	29
<i>Радченко Е. Е., Малашонок А. С., Анисимова И. Н., Рязанова М. К., Васиков В. В., Романова О. И., Алпатьева Н. В.</i> Идентификация аллелей гена <i>Rf2</i> у образцов и гибридов зернового сорго (<i>Sorghum bicolor</i> (L.) Moench)	31
<i>Наваз М. А., Чунг Г., Голохваст К. С.</i> Полногеномный анализ ассоциаций выявил новые локусы, определяющие содержание изофлавоноидов сои в дикой сое (<i>Glycine soja</i>)	33
<i>Зорин Е. А., Жуков В. А., Вишнякова М. А.</i> Транскриптомный анализ ответа на засуху в семенах гуара (<i>Cyatopsis tetragonoloba</i> (L.) Taub.)	35
<i>Вишнякова М. А.</i> Коллекция гуара ВИР как ресурс адаптивных генотипов для выращивания культуры в России	37
<i>Попихина М. М., Егги Э. Э.</i> Выявление полиморфизма запасных белков семян для паспортизации и определения аутентичности образцов донника (<i>Melilotus</i> Mill.) с использованием метода SDS-электрофореза	39
<i>Воронова О. Н., Гаврилова В. А., Анисимова И. Н.</i> Изменчивость фертильности пыльцы в ряде поколений у гибридов, полученных на основе ЦМС-линий	40
<i>Рязанова М. К., Алпатьева Н. В., Гаврилова В. А., Кузнецова Е. Б., Анисимова И. Н.</i> Генетическое разнообразие карликовых линий подсолнечника (<i>Helianthus annuus</i> L.) коллекции ВИР	43
<i>Зотеева Н. М.</i> Межвидовая гибридизация картофеля с использованием источников устойчивости к фитофторозу	46
<i>Сарикян К., Киракосян Г., Григорян М., Шабоян Г., Зурабян А., Варданын В.</i> Восстановление забытых сортов семейства пасленовых в Армении	48
<i>Сарикян К., Киракосян Г., Григорян М., Шабоян Г., Варданын В.</i> Оценка местных сортов Национальной коллекции пасленовых овощных культур Армении в условиях изменения климата	50
<i>Макаов А. К., Радченко О. Е., Криворучко К. Р., Антонова О. Ю.</i> Применение CAPS-маркеров для изучения полиморфизма пластидной ДНК у представителей подрода <i>Prunophora</i> (Neck. ex Spach) Focke рода <i>Prunus</i> L.	52
<i>Гончаренко А. О., Антонова О. Ю.</i> Изучение аллельного разнообразия <i>S</i> -локуса у образцов груши из коллекции Майкопской опытной станции – филиала ВИР	54
Алфавитный указатель авторов тезисов	56

CONTENTS

PROGRAM of the Conference <i>100 Years of Applied Plant Genetics</i>	7
<i>Khlestkina E. K.</i> Welcome address	11
<i>Anisimova I. N., Radchenko E. E.</i> Department of Genetics: glorious names	12
<i>Vishnyakova M. A.</i> “Diplomatic mails” of N. I. Vavilov and G. D. Karpechenko and their role in the formation of genetic research at the Institute	16
<i>Abdullaev R. A., Anisimova I. N., Radchenko E. E.</i> Genetic diversity study of cultivated plants	18
<i>Shvachko N. A., Lukina K. A., Semilet T. V., Kovaleva O. N., Shelenga T. V., Loskutov I. G.</i> Applying the results of whole-genome analysis of oat accessions from the VIR collection for accelerated breeding of cultivars with target properties	20
<i>Nigamadyanov A. R., Zuev E. V., Antonova O. Yu., Porotnikov I. V.</i> Allelic diversity of the <i>Vrn-A1</i> and <i>Vrn-B1</i> genes in spring bread wheat cultivars from the VIR collection, originating from different regions of Russia	22
<i>Tyryshkin L. G.</i> At what stages of the host–pathogen interaction is the hypersensitivity response expressed?	25
<i>Baranova O. A., Mironenko N. V., Kovalenko N. M., Sibikeev S. N.</i> Analysis of juvenile resistance to stem rust and tan spot in introgression lines of spring bread wheat	27
<i>Zeleneva Yu. V., Kolesnikova T. P., Teryoxin N. M.</i> Evaluation of resistance to <i>Septoria</i> blotch, tan spot, and spot blotch in spring bread wheat cultivars and lines developed at the Far Eastern State Agrarian University and identification of <i>Tsn1</i> and <i>Snn1</i> gene alleles	29
<i>Radchenko E. E., Malashonok A. S., Anisimova I. N., Ryazanova M. K., Vasipov V. V., Romanova O. I., Alpatieva N. V.</i> Identification of <i>Rf2</i> gene alleles in accessions and hybrids of grain sorghum (<i>Sorghum bicolor</i> (L.) Moench)	31
<i>Nawaz M. A., Chung G., Golokhvast K. S.</i> Genome-wide association study reveals novel genetic loci governing soy isoflavonoid content in wild soybean (<i>Glycine soja</i>)	33
<i>Zorin E. A., Zhukov V. A., Vishnyakova M. A.</i> Transcriptomic analysis of drought response in guar seeds (<i>Cyamopsis tetragonoloba</i> (L.) Taub.	35
<i>Vishnyakova M. A.</i> The guar collection at VIR as a resource of adaptive genotypes for cultivation in Russia	37
<i>Popikhina M. M., Eggi E. E.</i> Identification of polymorphism in seed store proteins for certification and determination of authenticity among sweet clover (<i>Melilotus</i> Mill.) accessions using SDS electrophoresis	39
<i>Voronova O. N., Gavrilova V. A., Anisimova I. N.</i> Variability of pollen fertility in a number of generations in hybrids obtained on the basis of CMS lines	40
<i>Ryazanova M. K., Alpatieva N. V., Gavrilova V. A., Kuznetsova E. B., Anisimova I. N.</i> Genetic diversity of dwarf sunflower (<i>Helianthus annuus</i> L.) lines from the VIR collection	43
<i>Zoteyeva N. M.</i> Interspecific hybridization of potato using sources of resistance to late blight	46
<i>Sarikyan K., Kirakosyan G., Grigoryan M., Shaboyan G., Zurabyan A., Vardanyan V.</i> Restoration of lost varieties of the Solanaceae family in Armenia	48
<i>Sarikyan K., Kirakosyan G., Grigoryan M., Shaboyan G., Vardanyan V.</i> Evaluation for landraces in the National Solanaceae Vegetable Crop Collection of Armenia under climate change conditions	50
<i>Makaov A. K., Radchenko O. E., Krivoruchko K. R., Antonova O. Yu.</i> Application of CAPS markers for studying chloroplast DNA polymorphism in representatives of the subgenus <i>Prunophora</i> (Neck. ex Spach) Focke of the genus <i>Prunus</i> L.	52
<i>Goncharenko A. O., Antonova O. Yu.</i> Study of allelic diversity of the <i>S</i> -locus in pear accessions from the collection of Maikop Experiment Station – branch of VIR	54
<i>Alphabetical index of abstract authors</i>	56



**ПРОГРАММА
конференции
«100 лет прикладной генетики растений»**

**PROGRAM
of the Conference
*100 Years of Applied Plant Genetics***



ПРОГРАММНЫЙ КОМИТЕТ

конференции

«100 лет прикладной генетики растений»

г. Санкт-Петербург, 18–19 декабря 2025 г.

Радченко Евгений Евгеньевич, председатель программного комитета, доктор биологических наук, главный научный сотрудник отдела генетики, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова, Санкт-Петербург, Россия

Абдуллаев Ренат Абдуллаевич, заместитель председателя программного комитета, кандидат биологических наук, ведущий научный сотрудник отдела генетики, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова, Санкт-Петербург, Россия

Яковлева Ольга Владимировна, ученый секретарь программного комитета, кандидат биологических наук, старший научный сотрудник отдела генетики, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова, Санкт-Петербург, Россия

Члены программного комитета:

Анисимова Ирина Николаевна, доктор биологических наук, ведущий научный сотрудник отдела генетики, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова, Санкт-Петербург, Россия

Вишнякова Маргарита Афанасьевна, доктор биологических наук, профессор, главный научный сотрудник отдела генетических ресурсов зернобобовых культур, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова, Санкт-Петербург, Россия

Гавриленко Татьяна Андреевна, доктор биологических наук, главный научный сотрудник отдела биотехнологии, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова, Санкт-Петербург, Россия

Гаврилова Вера Алексеевна, доктор биологических наук, главный научный сотрудник отдела генетических ресурсов масличных и прядильных культур, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова, Санкт-Петербург, Россия

Лоскутов Игорь Градиславович, доктор биологических наук, главный научный сотрудник отдела генетических ресурсов овса, ржи, ячменя, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова, Санкт-Петербург, Россия

Швачко Наталия Альбертовна, кандидат биологических наук, ведущий научный сотрудник лаборатории постгеномных исследований, и. о. заместителя директора по научно-организационной работе, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова, Санкт-Петербург, Россия

ОРГАНИЗАЦИОННЫЙ КОМИТЕТ

конференции

«100 лет прикладной генетики растений»

г. Санкт-Петербург, 18–19 декабря 2025 г.

Хлесткина Елена Константиновна, председатель организационного комитета, доктор биологических наук, член-корреспондент РАН, директор, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова, Санкт-Петербург, Россия

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

Яковлева Ольга Владимировна, секретарь организационного комитета, кандидат биологических наук, старший научный сотрудник отдела генетики, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова, Санкт-Петербург, Россия

Члены организационного комитета:

Абдуллаев Ренат Абдуллаевич, кандидат биологических наук, ведущий научный сотрудник отдела генетики, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова, Санкт-Петербург, Россия

Алпатьева Наталья Владимировна, кандидат биологических наук, ведущий научный сотрудник отдела генетики, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова, Санкт-Петербург, Россия

Панков Александр Александрович, начальник отдела телекоммуникаций и информационных обеспечения, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова, Санкт-Петербург, Россия

Симиряжко Анастасия Николаевна, секретарь директора, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова, Санкт-Петербург, Россия

Таловина Галина Владимировна, кандидат биологических наук, старший научный сотрудник отдела агроботаники и *in situ* сохранения генетических ресурсов растений (гербарий), Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова, Санкт-Петербург, Россия

Чернышева Оксана Александровна, советник директора, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова, Санкт-Петербург, Россия



ПРОГРАММА
конференции
«100 лет прикладной генетики растений»
г. Санкт-Петербург, 18–19 декабря 2025 г.



АРХИТЕКТУРА ПРОГРАММЫ

Время	Место	Мероприятие
18 декабря 2025 г.		
регистрация слушателей		
19 декабря 2025 г.		
10.00 – 10.10	Помпейский зал, Большая Морская, 44; online	открытие конференции.
10.10 – 13.00	Помпейский зал, Большая Морская, 44; online	сессия 1 «Развитие исследований по прикладной генетике в России»
13.00 – 13.30	Помпейский зал, Большая Морская, 44; online	перерыв
13.30 – 15.45	Помпейский зал, Большая Морская, 44; online	сессия 2 «Частная генетика для селекции и защиты растений»
15.45 – 16.00	Помпейский зал, Большая Морская, 44; online	заккрытие конференции

Научная программа конференции

ВСТУПИТЕЛЬНОЕ СЛОВО

Дорогие друзья! Уважаемые коллеги!

18–19 декабря 2025 года состоялась научная конференция **«100 лет прикладной генетики растений»**, приуроченная к 100-летию организации отдела генетики в ВИР (1925).

В рамках мероприятия работали 2 секции: «Развитие исследований по прикладной генетике в России» и «Частная генетика для селекции и защиты растений».

Среди участников конференции – представители научно-исследовательских учреждений и вузов из различных регионов России и стран СНГ.

Открыли мероприятие выступления по истории становления и развития отдела: ведущий научный сотрудник отдела генетики ВИР, доктор биологических наук Ирина Николаевна Анисимова рассказала о пионерах генетической науки в институте, руководитель отдела генетических ресурсов зернобобовых культур ВИР, доктор биологических наук, профессор Маргарита Афанасьевна Вишнякова осветила роль «дипломатических почт» Николая Ивановича Вавилова и Георгия Дмитриевича Карпеченко в развитии генетики.

Далее звучали доклады о современных методах исследований растений: от полногеномного анализа сои и овса до транскриптомных исследований гуара и маркерной селекции пшеницы, ячменя, подсолнечника и сорго.

Особое внимание уделено изучению генов устойчивости к болезням и стрессам, включая стеблевую ржавчину, фитофтороз и засуху. Также обсуждались вопросы изучения коллекции гуара и донника как источников адаптивных генотипов.

Конференция еще раз показала, что с развитием генетических технологий растет значение Вавиловской коллекции, а комплексные современные научные исследования коллекций генетических ресурсов растений обеспечивают надежную научную основу как для приоритетных достижений в области биологии растений, так и для устойчивого развития селекции, основывающейся на знаниях генетики и других направлений современной биологии.



**Директор ВИР,
член-корреспондент РАН,
Елена Константиновна Хлесткина**



Рисунок: Е. А. Чарушина-Капустина. 2025.

URL: <https://www.vir.nw.ru/blog/2025/12/22/pozdravlyаем-100-let-otdelu-genetiki-vir/>

ОТДЕЛ ГЕНЕТИКИ: СЛАВНЫЕ ИМЕНА

И. Н. Анисимова, Е. Е. Радченко

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

DEPARTMENT OF GENETICS: GLORIOUS NAMES

I. N. Anisimova, E. E. Radchenko

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

Первым заведующим отделом генетики ВИР стал по приглашению Н. И. Вавилова Георгий Дмитриевич Карпеченко, имя которого вошло в летопись мировой науки, прежде всего, как автора классической работы по созданию фертильного межродового редечно-капустного гибрида (*Raphanobrassica*) и основателя в ВИР нового направления прикладной генетики – межвидовой и межродовой гибридизации для создания новых форм культурных растений. Г. Д. Карпеченко впервые предложил использование амфидиплоидии для преодоления несовместимости плохо скрещивающихся видов, под его руководством разработан новый метод преодоления нескрещиваемости мягкой пшеницы с другими видами с применением специально синтезированных отдаленных гибридов. В 1930–1940 гг. под его руководством проводились исследования отдаленной гибридизации, селективного оплодотворения, а также способов направленного изменения наследственной изменчивости большого разнообразия видов культурных растений: пшеницы, эгилопсов, ячменя, кукурузы, хлопчатника, гороха, чечевицы, чины, мака, крестоцветных, капусты, томата, льна, свеклы, герани, конопли. В отделе генетики в период с 1925 по 1941 г. работали Г. Д. Карпеченко, Д. Р. Щербина, А. Н. Домбровская, Е. И. Барулина, О. Н. Сорокина, А. Н. Лутков, С. А. Щавинская, А. С. Каспарян, А. У. Хоменко, М. И. Хаджинов.

Серафима Арсеньевна Щавинская была сотрудником отдела с самых первых дней его существования. Вместе с Г. Д. Карпеченко она провела классические эксперименты по получению авто- и аллополиплоидов различных культурных растений, внесла вклад в изучение хромосомного состава аллополиплоидных гибридов.

Александр Николаевич Лутков известен фундаментальными работами в области экспериментального мутагенеза у гороха и злаков. С помощью ионизирующего излучения им были получены безлигульные формы ячменя, что подтвердило правомерность закона Н. И. Вавилова о гомологических рядах в наследственной изменчивости. В дальнейшем развивал основы экспериментальной полиплоидии растений, создал высокопродуктивные триплоидные гибриды сахарной свеклы.

Имя Елены Ивановны Барулиной в первую очередь связано с монографическими исследованиями культуры чечевицы, изучением генетической дифференциации ее географических рас, особенностей наследования признаков, а также работами в области систематики и генетики злаковых растений (пшеницы).

В начале 1930-х гг. сотрудник отдела генетики Михаил Иванович Хаджинов и американский цитогенетик Маркус Мортон Роудс независимо друг от друга открыли явление цитоплазматической мужской стерильности (ЦМС). М. И. Хаджинов разработал методологию семеноводства на основе ЦМС и по праву считается основоположником отечественной гибридной селекции кукурузы.

В 1940-х гг., после ареста Г. Д. Карпеченко, Н. И. Вавилова и других ученых, отдел прекратил свое существование. Период возрождения генетических исследований в ВИР в 1960-х гг. связан с именем Трофима Яковлевича Зарубайло. Под его руководством были

продолжены прикладные генетические исследования с позиций идей Н. И. Вавилова и Г. Д. Карпеченко, с учетом последних достижений современной генетики были выполнены фундаментальные и прикладные исследования полиплоидии, мутагенеза, отдаленной гибридизации и интрогрессии чужеродных генов, генетики иммунитета в сочетании с созданием новых селекционно ценных рекомбинантов различных культур.

В 1980–1987 гг. отделом генетики руководил Анатолий Федорович Мережко. А. Ф. Мережко важную роль отводил системному подходу к изучению сортового разнообразия культивируемых растений, разработке эффективных методов подбора и генетического анализа исходного материала для селекции и создания доноров хозяйственно важных признаков. А. Ф. Мережко разработал генетические основы поиска, создания и использования доноров селекционно ценных признаков пшеницы.

В 1987–2005 гг. отделом заведовал профессор Борис Викторович Ригин – яркий представитель поколения ученых, которые внесли неоценимый вклад в возрождение генетических исследований в 1960-х годах и обеспечили преемственность идей Н. И. Вавилова в области генетики культурных растений в последующие годы. Широкое признание принесли ему работы по отдаленной гибридизации и частной генетике культурных злаков. Б. В. Ригин исследовал проблемы скороспелости культивируемых растений, устойчивости зерновых культур к экстремальным почвенным факторам – засоленности почвы, высокому содержанию токсичных ионов тяжелых металлов.

Ольгой Владимировной Яковлевой выделены высокоустойчивые к алюминию генотипы ячменя, представляющие большой интерес для селекции. Созданы новые доноры устойчивости ячменя к токсичным ионам алюминия. Методом гибридологического анализа выявлены закономерности наследования устойчивости к фитотоксичным ионам алюминия, определен генетический контроль признака доминантными генами. Экспериментально получены рекомбинанты, превышающие по устойчивости исходные родительские формы.

Ирина Георгиевна Одинцова внесла крупный вклад в изучение генетического разнообразия пшеницы по устойчивости к грибным патогенам и выяснение генетического контроля пшеницы к бурой ржавчине, экспериментально доказала возможность преодоления паразитом «остаточного эффекта» генов устойчивости, разработала направления стратегии пшеницы на устойчивость к патогену. И. Г. Одинцовой и Татьяной Вениаминовной Лебедевой выявлено наследственное разнообразие по устойчивости среди разных видов пшеницы и подтверждено наблюдение Н. И. Вавилова о высокой устойчивости к грибным болезням растений диплоидных и тетраплоидных видов пшеницы. У мягкой пшеницы *Triticum aestivum* обнаружены новые устойчивые к болезням генотипы, идентифицированы неизвестные ранее эффективные гены устойчивости к ржавчине и мучнистой росе, изучено их проявление в зависимости от условий среды.

Владимиром Дмитриевичем Кобылянским и Ольгой Владимировной Солодухиной получены приоритетные данные в области генетики ржи, в природных популяциях обнаружены редкие биотипы – источники генов устойчивости к бурой, стеблевой ржавчине и мучнистой росе. Разработан метод идентификации генов устойчивости ржи и впервые в мировой науке идентифицированы серии генов устойчивости к бурой и стеблевой ржавчинам, создан богатый генетический материал – новые сорта ржи, доноры генов устойчивости.

Широко известны работы Надежды Мубаровны Зотеевой, посвященные изучению культурного и дикого картофеля по устойчивости к болезням. Среди разнообразия видов картофеля выделены источники высокой устойчивости к фитофторозу и вирусам. Ею создана и поддерживается коллекция сложных межвидовых гибридов с интрогрессированными генами устойчивости к патогенам.

Эдуард Валентинович Таврин впервые в мире осуществил ресинтез вида пшеницы *T. zhukovskyi* Menabde et Erizjan и с использованием генетических методов и белковых маркеров исследовал возможные пути происхождения *T. macha* Dekapr. et Menabde, создал серию аллогексаплоидов пшеницы от скрещивания тетраплоидных видов с однозернянкой.

Некоторые из них характеризуются высокой устойчивостью к грибным болезням и высоким содержанием белка в зерне. Лариса Владимировна Прилюк создала и изучила новые аллополиплоиды от скрещивания диплоидных видов пшеницы *T. monosocum* L. и *T. urartu* Tum. ex Gandil. с рожью *Secale cereale* L. Любовь Александровна Писарева показала возможности использования химического мутагенеза для расширения генетического разнообразия мягкой пшеницы, для создания источников и доноров. Игорь Альбертович Звейнек выполнил большой цикл исследований по изменчивости и наследованию признака короткостебельности пшеницы.

Наталья Александровна Скурыгина занималась вопросами преодоления нескрещиваемости различных видов пшеницы, создала серию продуктивных интрогрессивных линий мягкой пшеницы, производных от *T. timopheevii*, с эффективными генами устойчивости к мучнистой росе и бурой ржавчине. Н.А. Скурыгиной впервые определена генетическая детерминация восстановления фертильности у форм мягкой пшеницы с цитоплазмой *T. timopheevii*, впервые зафиксирован стерилизующий эффект цитоплазмы *T. araraticum* Jakubz. Эти исследования намного опередили своё время: использование генетической системы ЦМС-*Rf* на основе Т-типа цитоплазмы (от *T. timopheevii*) в гибридной селекции пшеницы началось лишь в последние десятилетия.

Галина Алексеевна Воробьева провела успешные опыты по интрогрессии ценных генов, определяющих оранжевую окраску плодов и устойчивость к вирусу табачной мозаики, из генома дикого вида *Solanum penellii* Correll в генотипы культурного томата *Lycopersicon esculentum* Mill. и получила константные формы, характеризующиеся комплексом полезных признаков.

Нелли Ивановой Приходько с коллегами впервые выявлен и изучен эффект аутоплоидии у томатов, моркови, капусты, вики. Показано превосходство автополиплоидных форм моркови над диплоидными по темпам роста и величине корнеплодов.

Лев Геннадьевич Тырышкин исследовал возможность расширения запаса генов устойчивости пшеницы и ячменя с помощью индукции соматональной изменчивости в культуре ткани. Изучив с помощью различных методов результаты предшествующих исследователей, он пришел к выводу об отсутствии иных эффективных генов устойчивости пшеницы к бурой ржавчине, кроме *Lr9*, *Lr19*, *Lr24* и *Lr41*. Отбор *in vitro* позволил выделить устойчивые к токсинам возбудителя темно-бурой листовой пятнистости линии и регенерировать из них фертильные растения.

Большой вклад в изучение генетических механизмов регуляции мейотических процессов внесла Инна Никитична Голубовская, создавшая уникальную коллекцию мейотических мутантов кукурузы. Мейотические гены классифицированы, определены их цитогенетические эффекты. Выявлен относительно автономный генетический контроль основных ключевых событий мейоза и установлен характер взаимодействия мей-генов. Важным достижением является выявление серии мутантных аллелей. Некоторые мей-гены кукурузы картированы и клонированы, изучены особенности их экспрессии.

Игорь Михайлович Суриков выполнил цикл экспериментальных работ по генетике самонесовместимости ржи, выдвинул гипотезу о зависимости самостерильности растений от экспрессии целого ряда взаимодействующих гаметофитных локусов, разработал метод использования генов самонесовместимости в генетическом анализе. И.М. Суриков и Наталья Ивановна Киссель изучали наследование признака хорошей скрещиваемости пшеницы с рожью, создали на основе сорта 'Приекульская 481' линии, характеризующиеся высокой скрещиваемостью с рожью. Совместно с Натальей Павловной Романовой И. М. Суриковым получены оригинальные данные в области частной генетики ржи.

Ольгой Павловной Митрофановой сформулированы основные принципы и разработаны методы создания признаковой и генетической коллекции мягкой пшеницы *T. aestivum* с четко различимыми биохимическими и морфологическими признаками и идентифицированными генами для маркирования хромосом, впервые разработана

система создания эталонной коллекции мягкой пшеницы. Отдельным элементом программы является формирование и поддержание в живом виде генетических коллекций и доноров с ценными для селекции идентифицированными генами.

В 2007 г. на должность заведующего по конкурсу был избран Евгений Евгеньевич Радченко, который руководил отделом до 2025 г., а с января этого года – Ренат Абдуллаевич Абдуллаев.

Е. Е. Радченко изучены эколого-генетические особенности взаимодействия злаков с насекомыми. В результате анализа мирового генофонда удалось выделить значительное число доноров устойчивости зерновых культур к вредителям, исследовать механизмы резистентности, идентифицировать 15 генов устойчивости сорго к обыкновенной злаковой тле. Показано наличие внутривидовых форм злаковых тлей как в странах бывшего СССР, так и в России, выявлен внутривидовой полиморфизм фитофагов по генам вирулентности. В процессе исследований Е. Е. Радченко модифицированы известные и разработаны оригинальные методы изучения взаимоотношений тлей и их растений-хозяев. С использованием генов *Sgr5–Sgr8*, контролирующих высокую устойчивость сорго к обыкновенной злаковой тле, создан ценный исходный материал для селекции.

Под руководством Е. Е. Радченко в отделе успешно продолжают исследования по генетике устойчивости культурных растений и их диких родичей к вредным организмам. Галина Сергеевна Коновалова проводит уникальные исследования генетического контроля устойчивости ячменя к возбудителю ринхоспориоза, занимается поиском доноров эффективных генов устойчивости. Лариса Васильевна Ермолаева – ведущий специалист по изучению устойчивости овощных и плодовых культур к насекомым. Мария Михайловна Ковалева изучает устойчивость образцов коллекции пшеницы к возбудителям таких опасных заболеваний, как фузариоз колоса и пыльная головня, результаты ее многолетних исследований используются при создании доноров устойчивости. Анна Павловна Хохлова известна своими работами по устойчивости ячменя к головневым болезням.

Недавно в состав отдела вошли уникальные специалисты, изучающие генетическое разнообразие культурных растений по физиологическим признакам. Инна Ивановна Матвиенко с коллегами в течение многих лет проводит оценку образцов коллекций генетических ресурсов зерновых, крупяных, бобовых и технических культур.

Начиная с середины 2000-х гг. при изучении изменчивости культурных растений и их диких родичей по адаптивно ценным и важным биологическим признакам применяются молекулярно-генетические методы. Так, на основе комплексного подхода, сочетающего фитопатологический, молекулярно-генетический и гибридологический анализы, Р. А. Абдуллаев изучает генетическое разнообразие основных зерновых культур Российской Федерации по адаптивно важным признакам (устойчивость к грибным болезням и вредителям, скорость развития); он исследует генетический контроль ценных признаков у выделенных образцов ячменя.

Наталья Владимировна Алпатьева – признанный специалист в области применения методов молекулярной генетики в исследованиях генетических ресурсов растений. Она модифицировала методы выделения ДНК из различных растительных объектов, изучила нуклеотидный полиморфизм фрагментов ряда хозяйственно ценных генов и разработала молекулярные маркеры для скрининга образцов коллекций генетических ресурсов картофеля, сорго и других растений.

Ирина Николаевна Анисимова впервые изучила изменчивость и генетический контроль белков семян подсолнечника, с помощью белковых и ДНК-маркеров исследовала особенности преобразований геномов при межвидовой гибридизации подсолнечника, выполнила молекулярный скрининг признаков коллекций подсолнечника. С использованием гибридологического, цитологического и молекулярно-генетического методов И. Н. Анисимова и Н. В. Алпатьева изучают генетические системы ЦМС-*Rf* подсолнечника и сорго.

«ДИПЛОМАТИЧЕСКИЕ ПОЧТЫ» Н. И. ВАВИЛОВА И Г. Д. КАРПЕЧЕНКО И ИХ РОЛЬ В СТАНОВЛЕНИИ ГЕНЕТИЧЕСКИХ ИССЛЕДОВАНИЙ ИНСТИТУТА

М. А. Вишнякова

Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова (ВИР), Санкт-Петербург, Россия,
e-mail: m.vishnyakova@vir.nw.ru

“DIPLOMATIC MAILS” OF N. I. VAVILOV AND G. D. KARPECHENKO AND THEIR ROLE IN THE FORMATION OF GENETIC RESEARCH AT THE INSTITUTE

M. A. Vishnyakova

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

Весной 1925 г. Григорий Дмитриевич Карпеченко был приглашен в возглавляемый Н. И. Вавиловым Всесоюзный институт прикладной ботаники и новых культур (ИПБиНК), чтобы организовать и возглавить в нем генетические исследования. Молодой ученый привлек внимание Н. И. Вавилова своими работами по отдаленной гибридизации. Он пригласил его в свой институт, когда Г. Д. Карпеченко было всего 26 лет. К этому времени он уже имел хорошую методическую подготовку, определенный научный багаж, широкую генетическую эрудицию. Практически сразу по приеме Г. Д. Карпеченко в институт, Н. И. Вавилов начинает хлопоты о зарубежной стажировке молодого генетика, увенчавшиеся успехом. Через четыре месяца после принятия на работу в ИПБиНК, еще практически не определившись с идеологией работы созданной им лаборатории из четырех человек, Г. Д. Карпеченко выехал за рубеж.

«...За границей стоит побывать и повидать Винклера, Корренса, Нильсона-Элле, а особенно Герберта Нильсона..., подучить языки, собрать материал, повидать больших людей, вдохновиться...» – напутствовал мэтр своего нового сотрудника.

Во время командировки с августа 1925 г. по июнь 1926 г. Георгий Дмитриевич посетил ведущие генетические и цитологические учреждения девяти европейских стран: университеты Швеции и Норвегии, Свалёфскую станцию, кафедру генетики Королевского ветеринарного и сельскохозяйственного колледжа Дании; Институт генетики растений общества Кайзера Вильгельма в Германии, институты Мюнхена, Геттингена, Йены, Гамбурга. Он возил с собой цитологические препараты своих капустно-редечных гибридов, которыми занимался и предполагал заниматься впредь. Восторженные письма о том, как хорошо его принимают видные ученые, которых «он заразил своими редьками» летели в ИПБиНК. Но в ответ получал от Вавилова несколько охлаждающие послания. Причиной тому было недовольство директора программой, составленной молодым заведующим для своей лаборатории и тем, что его сотрудники занимались микроскопией, дублируя тематику лаборатории цитологии Г. А. Левитского. В довольно резкой форме директор требовал «программу не личного свойства, а в интересах той общей работы, которую ведет Институт». Программа Карпеченко «не охватывала всей генетики» возделываемых растений, как понимал ее Николай Иванович в масштабах института, в ней отсутствовали генетические исследования по многим культурам, что директор считал обязательным. «Нас мало интересует редька и очень интересуют пшеница, ячмень, овес и рожь... – писал он, – ...повторяю, что в нашей структуре Генетическая лаборатория... является основной методической лабораторией, к которой могут обращаться работники по разным культурам, и нужно, чтобы Генетическая лаборатория владела генетикой в полном объеме, чтобы быть полезным консультантом. Во всяком случае, Вам придется учесть нужды Института в генетическом методе и занять такое примерно положение, какое занимают лаборатории физиологическая, цитологическая, биохимическая».

Не нравились эти письма Георгию Дмитриевичу. Работал он с гимназической скамьи много и упорно, а в этой заграничной командировке и того больше. «...Работаю нервно, не могу часто заснуть до 4–5 часов, все думаю, думаю, и все об этих гибридах...», писал он Николаю Ивановичу. Вавилов отвечал регулярно, обстоятельно. Писал о задачах, стоящих перед генетикой, перед институтом, перед самим Г. Д. Карпеченко. Георгий Дмитриевич отвечал не менее обстоятельно. Но не привык он еще к своему статусу начальника, поэтому понимание задач и методологии исследований лаборатории генетики ИПБиНК, которая должна была стать важнейшим звеном среди подразделений института, пришло к молодому заведующему, до этого работающему практически в одиночку и не выходящего за рамки собственных студенческих и аспирантских исследований, не сразу.

Георгий Дмитриевич, еще не успевший вписаться в контекст работы Института, осознать его цели и основные направления исследований, признавался: «Я совсем не политик, совершенно не умею и не хочу заниматься этими делами и во всякого рода пользования материалом других лабораторий совершенно не знаю, как приступить к этому. Мне не ясны наши взаимоотношения. Вы должны здесь помочь...» и с присущим ему чувством юмора уточнял: «Наследуемый от Вас материал пока мне неизвестен, нужно время, чтобы с ним познакомиться и просмотреть литературу. От непосредственного перехода с редьки к землянике, согласитесь, ничего кроме расстройства желудка ожидать нельзя».

«Генетическая работа, – продолжал Вавилов, – должна идти и в сторону решения проблемы экспериментальной генетики, и по монографии отдельных растений, по отдельным признакам и, в частности, по междувидовой гибридизации. Как будто у нас сейчас избыток цитологии на фоне пустоты в генетике, и естественно, что это неправильно... Мы заинтересованы и генетикой, и филогенетикой, и вообще генетикой, и мы хотели бы, чтобы Вы создали стержень, около которого действительно группировалась бы вся работа в этой части. Понятно, что ни огородники, ни плодовые, да и в значительной мере и полеводы, даже хорошо знающие ту или другую культуру, невежественны в генетике, например, Мальцев, Фляксбергер, даже Синская, и поэтому весь центр работы генетического отделения должен быть направлен именно в эту сторону».

Письма Н. И. Вавилова с острой критикой молодого заведующего были резки и категоричны. Г. Д. Карпеченко был уязвлен и удручен, но с достаточной твердостью отстаивал свои позиции, защищал свой штат и свое право на хромосомный анализ своих бастардов. Его ответные письма директору в этот период, который Н. И. Вавилов позднее назовет «дипломатическими почтами», были порой совсем не дипломатичны. Частная генетика культур не привлекала его. «Не характеризуется ли наша дисциплина, генетика, большей глубиной исследования, чем широтой его? Не должен ли всякий, работающий в генетике, сосредоточить свое внимание на очень небольшом числе объектов, но зато знать об них все?» – писал он. Но результатом бессонных ночей стал новый вариант программы генетической лаборатории на предстоящий вегетационный период, отосланный в институт. Восприимчивым оказался молодой заведующий к критике, и новая программа устроила директора. Так или иначе, но в апрельском письме он предложил покончить с «дипломатическими почтами» и уже в довольно мягкой форме напомнил Г. Д. Карпеченко: «На Вас возлагаем большие ожидания...» Четкое видение Н. И. Вавиловым роли своего института в развитии растениеводства страны помогло Г. Д. Карпеченко осознать масштаб стоящих перед ним задач и способствовало становлению молодого ученого не только как руководителя генетических исследований в ВИР, но и как крупного генетика мирового масштаба.

ИЗУЧЕНИЕ ГЕНЕТИЧЕСКОГО РАЗНООБРАЗИЯ ВОЗДЕЛЫВАЕМЫХ РАСТЕНИЙ

Р. А. Абдуллаев, И. Н. Анисимова, Е. Е. Радченко

Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова (ВИР), Санкт-Петербург, Россия,
e-mail: r.abdullaev@vir.nw.ru

GENETIC DIVERSITY STUDY OF CULTIVATED PLANTS

R. A. Abdullaev, I. N. Anisimova, E. E. Radchenko

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

Наиболее экологически чистым и экономически выгодным способом повышения продуктивности сельскохозяйственных культур является создание сортов на основе интенсивного использования генетических ресурсов растений. К сожалению, многие возделываемые в России сорта подвержены влиянию неблагоприятных почвенно-климатических условий, повреждаются насекомыми и поражаются фитопатогенными грибами. Генетическая защита и высокая адаптивность растений являются наиболее эффективными средствами повышения урожая и его стабильности. Широкое распространение кислых почв, большие территории с высокой концентрацией солей, периодические засухи определяют необходимость поиска форм, способных давать удовлетворительный урожай в условиях абиотических стрессов. В регионах с непродолжительным летом и относительно холодным климатом предпочтение отдается сортам с коротким вегетационным периодом, в других регионах селекция строится на сочетании продуктивности с довольно продолжительным вегетационным периодом.

Исследования, проводимые в отделе генетики ВИР, дают возможность с достаточной полнотой раскрыть потенциал разнообразия генетических ресурсов культурных растений и их диких родичей из мировой коллекции ВИР по важнейшим биологическим и агрономическим признакам. Эксперименты проводятся с помощью методов фенотипического, гибридологического, популяционного, цитогенетического и молекулярно-генетического анализов. Основные направления исследований отдела: фитосанитарный мониторинг распространения болезней и вредителей сельскохозяйственных растений; разработка рациональных путей поиска селекционно-ценных генотипов возделываемых культур; идентификация генов, детерминирующих онтогенез растений, устойчивость к биотическим и абиотическим стрессорам; исследование механизмов интрогрессии при гибридизации культурных растений с их дикими родичами; изучение взаимодействия «растение – среда» и «растение – вредный организм»; создание новых селекционно ценных рекомбинантов и доноров с идентифицированным генетическим материалом.

За последние 5 лет сотрудниками отдела изучено 24 560 образцов различных сельскохозяйственных культур из коллекции ВИР. Выделено 925 источников ценных для селекции признаков. Выявлены образцы, резистентные к опасным возбудителям болезней и вредителям; с помощью гибридологического и молекулярно-генетического анализов исследован генетический контроль устойчивости к вредным организмам у образцов зерновых культур, подсолнечника и картофеля; созданы новые доноры пшеницы, ячменя, ржи, сорго, картофеля, защищенные эффективными генами устойчивости. Исследуется генетический контроль высоты растений, а также таких адаптивно ценных признаков, как продолжительность отдельных этапов онтогенеза, устойчивость к токсичным ионам алюминия, хлоридному засолению и засухе. Созданы доноры устойчивости ячменя к повышенной кислотности почвы, ультраскороспелые рекомбинантные линии мягкой

пшеницы. На территории России была впервые обнаружена люпиновая тля *Macrosiphum albifrons* Essig – инвазивный фитофаг североамериканского происхождения.

Созданы рабочие коллекции ДНК образцов экономически важных растений и их диких родичей: пшеницы, ячменя, сорго, подсолнечника, картофеля. Продолжаются исследования структурно-функциональной организации генов восстановления (*Rf*) фертильности пыльцы подсолнечника и сорго – ключевого признака в селекции гибридов на основе цитоплазматической мужской стерильности (ЦМС). С привлечением методов молекулярно-генетического и гибридологического анализов получены значимые для практики результаты: созданы линии подсолнечника – доноры генов *Rf* и устойчивости к ложной мучнистой росе; определена диагностическая ценность молекулярных маркеров ряда хозяйственно полезных генов подсолнечника, ячменя, сорго; валидированы опубликованные в литературе и разработаны оригинальные системы маркеров, перспективные для исследований биоресурсных коллекций и использования в маркер-опосредованной селекции; запатентован ДНК-маркер для селекции гибридов сорго на основе цитоплазматической мужской стерильности А1-типа, разработан и валидирован маркер для идентификации мутантного аллеля *Rht1*, контролирующего нечувствительный к обработке экзогенной гиббереллиновой кислотой карликовый фенотип подсолнечника. Изучены особенности наследования признака восстановления фертильности пыльцы и ее морфометрических показателей у гибридов подсолнечника. Получены новые экспериментальные данные об особенностях рекомбинации в интрогрессированных от диких видов *Helianthus* участках хромосом культурного подсолнечника. Исследован характер наследования признака ветвления у линий – доноров гена восстановления фертильности пыльцы генетической коллекции подсолнечника ВИР. Изучен аминокислотный состав, содержание белка, а также определены предполагаемые аминокислотные последовательности β -, γ - и δ -кафирина у перспективных для гибридной селекции линий сорго – восстановителей фертильности пыльцы, устойчивых к обыкновенной злаковой тле. Разработаны праймеры, позволяющие амплифицировать часть ДНК штрих-кода для идентификации люпиновой тли.

ПРИМЕНЕНИЕ РЕЗУЛЬТАТОВ ПОЛНОГЕНОМНОГО АНАЛИЗА ОБРАЗЦОВ ОВСА ИЗ КОЛЛЕКЦИИ ВИР ДЛЯ УСКОРЕННОЙ СЕЛЕКЦИИ СОРТОВ С ЗАДАНЫМИ СВОЙСТВАМИ

**Н. А. Швачко, К. А. Лукина, Т. В. Семилет, О. Н. Ковалева, Т. В. Шеленга,
И. Г. Лоскутов**

Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов
растений имени Н.И. Вавилова (ВИР), Санкт-Петербург, Россия,
e-mail: n.shvachko@vir.nw.ru

APPLYING THE RESULTS OF WHOLE-GENOME ANALYSIS OF OAT ACCESSIONS FROM THE VIR COLLECTION FOR ACCELERATED BREEDING OF CULTIVARS WITH TARGET PROPERTIES

**N. A. Shvachko, K. A. Lukina, T. V. Semilet, O. N. Kovaleva, T. V. Shelenga,
I. G. Loskutov**

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

Зерно овса (*Avena sativa* L.) обладает высокой питательной ценностью, содержит ненасыщенные жирные кислоты, основные минеральные элементы и белки. Клеточные стенки эндосперма зерна овса содержат небольшое количество целлюлозы и состоят, как правило, из (1,3;1,4)- β -D-глюканов, которые относятся к высокомолекулярным углеводам растительного происхождения. В связи с этим для изучения маркеров, ассоциированных с питательными свойствами зерновки овса, было выполнено генотипирование и хемотипирование выборки овса из коллекции ВИР и применен полногеномный анализ ассоциаций (GWAS).

Выборка овса, состоящая из 200 сортов, происходящих из различных стран мира, впервые была генотипирована методом GBS (генотипирование путем секвенирования) в Курчатовском НИЦ на платформе Novaseq 6000 (Illumina, США) с использованием парно-концевых прочтений длиной 150 нуклеотидов. Для каждого образца было выполнено в среднем 3 миллиона пар прочтений, а также их обработка и фильтрация (до 75 % пропусков). Прочтения были картированы на референсный геном овса *A. sativa* L. (GCA_916181665.1_Oat OT3098 v2). После всех обработок нами было получено 300 938 SNP, которые использовали в программном обеспечении Tassel для поиска ассоциаций с изучаемыми признаками. Необходимо отметить, что генотипирование методом GBS позволяет получить значительное большее число маркеров, в отличие от метода генотипирования на чипах Illumina. В настоящее время разработан один чип для генотипирования образцов овса, состоящий из 6000 маркеров (Tinker et al., 2014).

Наличие генотипированной выборки позволяет применить метод полногеномного анализа ассоциаций и выявить значимые маркеры, ассоциированные с хозяйственно ценными признаками овса при хемотипировании зерновок образцов овса. В течение 2024 и 2025 г. для выборки образцов овса были определены следующие показатели: «Содержание β -глюканов», «Содержание крахмала», «Белок», «Масло», «Антиоксиданты», «Фенольные вещества», «Жирные кислоты (линолевая, линоленовая, пальмитиновая, олеиновая и стеариновая)». В программном обеспечении Tassel были выбраны две модели: обобщенная линейная модель (GLM) и более строгая, смешанная линейная модель (MLM), и найдены значимые маркеры. Для признака «Содержание антиоксидантов» в зерновке овса определен маркер (p-value $4.59 \cdot 10^{-7}$) уровня Suggestive для модели MLM, в случае модели GLM – значимый маркер (p-value $6.15 \cdot 10^{-8}$), всего (за два года исследования)

с использованием модели MLM, было выявлено 3 значимых маркера для показателей «Содержание крахмала», «Содержание антоцианов» и «Содержание β-глюканов» (рисунок). В случае использования модели GLM, было выявлено 6 значимых маркеров для признака «Содержание β-глюканов», 4 значимых маркера для показателя «Содержание масла», 3 значимых маркера для признака «Содержание крахмала», 2 – для «Белка в зерновке», и по одному значимому маркеру для показателей «Содержание антоцианов» и «Стеариновая кислота».

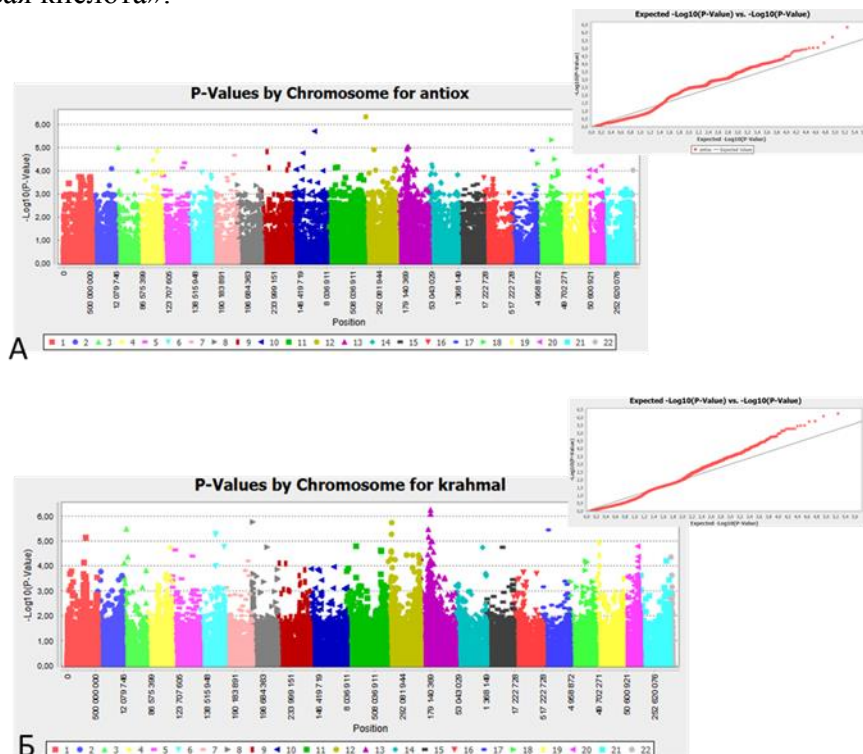


Рисунок. Графики QQ plot и Manhattan plot для признаков А) «Содержание антоцианов», модель MLM; Б) «Содержание крахмала», модель GLM

Для уточнения результатов полногеномного анализа ассоциаций нами будет выполнена третья повторность хемотипирования. В настоящее время начата работа по разработке ДНК-маркера для признака «Содержание крахмала» в зерновке овса. Применение данного маркера позволит выявить образцы, имеющие повышенное содержание крахмала в зерновке без полевого изучения и хемотипирования образцов. Таким образом, применение полногеномного анализа ассоциаций и дальнейшая разработка ДНК-маркеров позволят сократить время селекции и будут способствовать ускоренному созданию сортов овса с улучшенными характеристиками качества зерновки для направления здорового питания.

Исследование выполнено за счет гранта Российского научного фонда № 23-76-00005, <https://rscf.ru/project/23-76-00005/>

АЛЛЕЛЬНОЕ РАЗНООБРАЗИЕ ГЕНОВ *VRN-A1* И *VRN-B1* В СОРТАХ ЯРОВОЙ МЯГКОЙ ПШЕНИЦЫ КОЛЛЕКЦИИ ВИР ИЗ РАЗЛИЧНЫХ РЕГИОНОВ РОССИИ

А. Р. Нигамадьянов, Е. В. Зуев, О. Ю. Антонова, И. В. Поротников

Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова (ВИР), Санкт-Петербург, Россия,
email: angelofwars59@gmail.com.

ALLELIC DIVERSITY OF THE *VRN-A1* AND *VRN-B1* GENES IN SPRING BREAD WHEAT CULTIVARS FROM THE VIR COLLECTION ORIGINATING FROM DIFFERENT REGIONS OF RUSSIA

A. R. Nigamadyanov, E. V. Zuev, O. Yu. Antonova, I. V. Porotnikov

N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources (VIR), St. Petersburg, Russia,
e-mail: angelofwars59@gmail.com.

Продолжительность вегетационного периода от всходов до колошения является одним из ключевых признаков, определяющих скороспелость сорта, его адаптационный потенциал и пригодность к выращиванию в различных регионах. Формирование данного признака в значительной мере определяется аллельным состоянием генов *Vrn-1* (*Vrn-A1*, *Vrn-B1*, *Vrn-D1*), регулирующих переход растений от вегетативной к генеративной фазе развития. Яровым типом развития, то есть способностью переходить к колошению без яровизации, характеризуются генотипы с доминантными аллелями гена *Vrn-A1*, либо с комбинацией доминантных аллелей генов *Vrn-B1* и *Vrn-D1*, либо с доминантными аллелями по всем генам *Vrn-1*. Факультативный (интермедиальный) тип развития характерен для генотипов с доминантным аллелем только по гену *Vrn-B1* или *Vrn-D1* (Guo et al., 2015). Генотипы, гомозиготные по рецессивным аллелям *vrn-1*, относятся к озимому типу развития. Комбинирование различных аллелей генов *Vrn-1* критически важно для целенаправленной селекции сортов, адаптированных к конкретным агроклиматическим регионам. В селекции отечественных сортов яровой мягкой пшеницы наиболее часто используются различные комбинации доминантных аллелей генов *Vrn-A1* и *Vrn-B1* (Каталог мировой коллекции ВИР, выпуск 815; Berezhnaya et al., 2021). Цель настоящего исследования состояла в анализе аллельного разнообразия генов *Vrn-A1* и *Vrn-B1* в представительной выборке образцов мягкой яровой пшеницы, происходящих из различных регионов России.

Исследовали 218 образцов яровой мягкой пшеницы из коллекции ВИР, происходящих из шести федеральных округов России: Дальневосточного (12 образцов), Приволжского (58 образцов), Северо-Западного (28 образцов), Сибирского (73 образца), Уральского (34 образца) и Центрального (13 образцов). Дифференциацию аллелей генов *Vrn-A1* (*Vrn-A1*, *Vrn-A1a*, *Vrn-A1b*, *Vrn-A1c*) и *Vrn-B1* (*Vrn-B1*, *Vrn-B1a*, *Vrn-B1b*, *Vrn-B1c*) определяли с помощью внутригенных маркеров, взятых из литературных источников (Muterko et al., 2016).

В результате молекулярного скрининга показано, что наименьшее аллельное разнообразие характерно для гена *Vrn-A1* (рис. 1). Аллель *Vrn-A1a* преобладал во всех округах (73–100 %), особенно в Северо-Западном (100 %). Аллель *Vrn-A1b* выявлен у образцов в Сибирском (25 %), Центральном (23 %) и Уральском (15 %) округах. Рецессивный *vrn-A1* был зафиксирован только у двух образцов в Сибирском федеральном округе. Аллель *Vrn-A1c* в выборке обнаружен не был. Аллельное разнообразие гена *Vrn-B1* в отечественных сортах оказалось значительно выше (см. рис. 1), при этом оно было сопряжено с региональными особенностями: *Vrn-B1a* преобладал в Уральском (38 %) и Дальневосточном (50 %) округах, *Vrn-B1c* наиболее часто был выявлен у сортов из

Северо-Западного (36 %), Сибирского (37 %), Центрального (46 %) и Приволжского (53 %) округов.

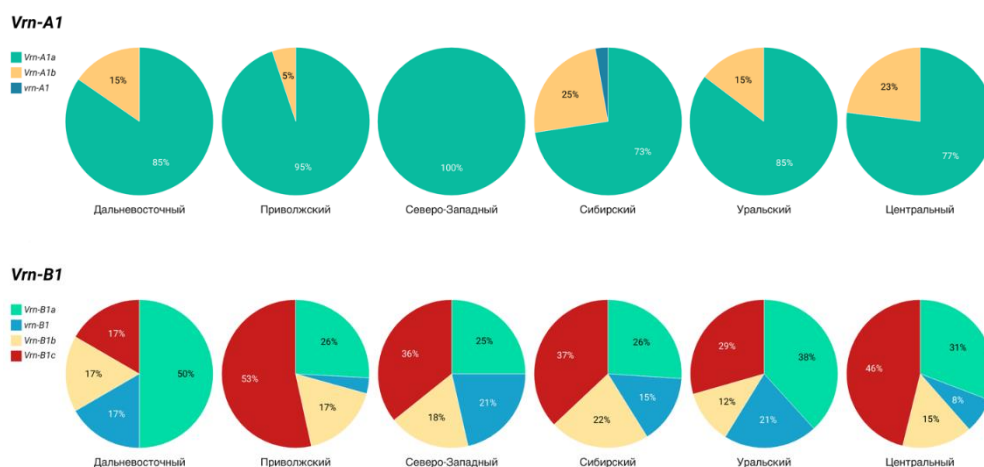


Рис. 1. Региональное распределение аллельных вариантов генов *Vrn-A1* и *Vrn-B1* в российских сортах мягкой пшеницы коллекции ВИР

На основе аллельного состава генов *Vrn-A1* и *Vrn-B1* выделено восемь аллельных комбинаций, из них четыре были основными (рис. 2): *Vrn-A1a/Vrn-B1c*, *Vrn-A1a/Vrn-B1a*, и *Vrn-A1a/vrn-B1*. Их встречаемость зависела от географических регионов: комбинация *Vrn-A1a/vrn-B1* преобладала в Сибирском (29 %), Северо-Западном (36 %), Центральном (38 %) и Приволжском (52 %) округах; *Vrn-A1a/Vrn-B1a* наиболее часто встречалась у сортов из Уральского (32 %) и Дальневосточного (42 %) округов; комбинация с рецессивным геном *Vrn-B1*: *Vrn-A1a/vrn-B1* достаточно часто встречалась в Сибирском, Дальневосточном, Уральском и Северо-Западном округах. Остальные аллельные комбинации получили меньшее распространение (см. рис. 2).

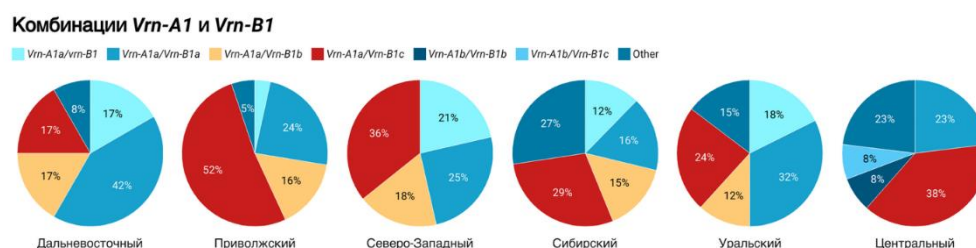


Рис. 2. Региональное распределение аллельных комбинаций генов *Vrn-A1* и *Vrn-B1* в российских сортах мягкой пшеницы коллекции ВИР

Таким образом, молекулярный скрининг 218 образцов мягкой яровой пшеницы из коллекции ВИР из России выявил значительное аллельное разнообразие генов *Vrn-A1* и *Vrn-B1* с четкими региональными закономерностями. Доминантный аллель *Vrn-A1a*, определяющий ярко выраженный яровой тип развития, преобладал во всех исследованных регионах, тогда как регионально-специфичное распределение аллелей гена *Vrn-B1* отражает дифференцированные адаптивные стратегии селекции. Выявленная географическая специфичность аллельных комбинаций подтверждает значение местного селекционного давления.

Работа выполнена в рамках реализации Программы развития Национального центра генетических ресурсов растений по соглашению с Минобрнауки России от 15 февраля 2024 года № 075-02-2024-1090.

НА КАКИХ ЭТАПАХ ВЗАИМОДЕЙСТВИЯ «ХОЗЯИН – ПАТОГЕН» ЭКСПРЕССИРУЕТСЯ РЕАКЦИЯ СВЕРХЧУВСТВИТЕЛЬНОСТИ?

Л. Г. Тырышкин

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

AT WHAT STAGES OF THE HOST-PATHOGEN INTERACTION IS THE HYPERSENSITIVITY RESPONSE EXPRESSED?

L. G. Tyryshkin

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

Реакция сверхчувствительности (рис. 1) – один из фундаментальных механизмов устойчивости растений к фитопатогенам. Вкратце, проникновение авирулентных генотипов патогена в ткани растения запускает каскад биохимических реакций, приводящих к ингибированию роста патогена и локализованной гибели клеток хозяина в месте инфекции. В случае биотрофных патогенов гибель клеток растения непосредственно приводит к гибели паразита. Традиционно считается, что реакция сверхчувствительности запускается при взаимодействии элиситоров фитопатогена с продуктами генов устойчивости растения, то есть в самом начале взаимодействия «хозяин – патоген». Возможна ли индукция сверхчувствительности после развития патогенов в тканях растения – вопрос, ответ на который до недавнего времени не мог быть получен экспериментальным путем. Открытие явления изменения вирулентности патогенов под действием факторов внешней среды позволяет спланировать такого рода эксперименты.

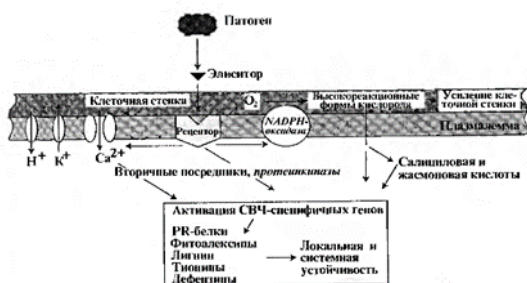


Рис. 1. Схема реакции сверхчувствительности растений

URL: https://studfile.net/html/2706/295/html_MM06uSFVnY.x4Y3/htmlconvd-ZwslBw_html_39fee2ea0b9fe01b.png

Материалом исследований были линии и сорта мягкой пшеницы, ячменя и овса. В качестве патогенов использовали возбудителей листовой, карликовой и корончатой ржавчин (рис. 2).

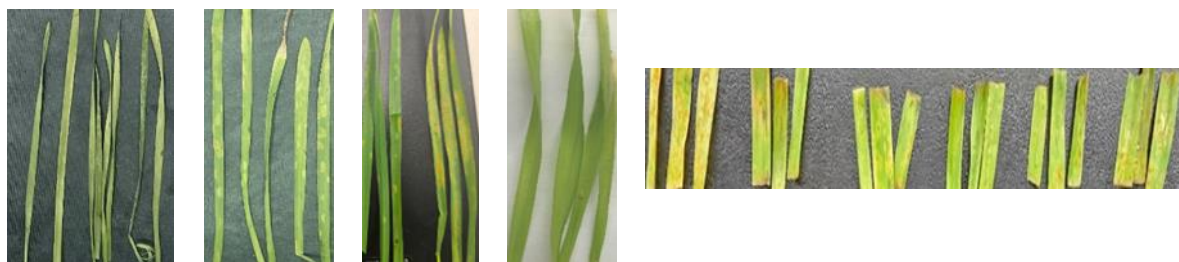


Рис. 2. Развитие ржавчин на интактных проростках и отрезках листьев злаков
в зависимости от обработок аммиачной селитрой

Были проведены 3 группы экспериментов.

1. Монопустульные изоляты патогенов использовали для заражения отрезков листьев злаков, помещенных на вату, смоченную водой и раствором аммиачной селитры (2,5 г/л); в результате были отобраны клоны грибов, вирулентные к различным генотипам растений в первом случае и авирулентные к ним во втором случае. Этими клонами грибов заражали отрезки листьев сортов и линий, помещенных на воду; через каждые сутки часть отрезков листьев переносили на вату, смоченную раствором селитры. В качестве дополнительного контроля в начале эксперимента листья раскладывали на раствор селитры и через сутки переносили на смоченную водой вату. В этом контроле во всех вариантах наблюдали реакцию устойчивости. В экспериментальном варианте устойчивость проявлялась у всех сортов ко всем генотипам гриба вплоть до четырех суток нахождения листьев на воде. После четырех суток реакция устойчивости/восприимчивости зависела от конкретной комбинации генотипов растения и возбудителя ржавчины.

2. Отрезки листьев сортов и линий трех культур помещали на смоченную водой вату, инокулировали суспензиями уредоспор сборных популяций соответствующих патогенов. Каждые сутки часть отрезков листьев переносили на вату, смоченную раствором NH_4NO_3 . На всех отрезках листьев, находившихся на воде вплоть до четырех суток, число образовавшихся пустул было в десятки раз меньше, чем в контрольном варианте. Снижение числа пустул на листьях, лежавших на воде пять и более суток зависело от генотипа хозяина, хотя наблюдалось у некоторых сортов даже при инкубации на воде в течение семи суток (время формирования визуально регистрируемых пустул).

3. Интактные проростки сортов культур заражали сборными популяциями патогенов. Каждые сутки часть растений опрыскивали раствором аммиачной селитры (г/л). Число пустул на единицу площади листа у большинства изученных сортов было статистически значимо меньше (практически у всех сортов в десять и более раз) по сравнению с контролем. У ряда сортов снижение количества пустул наблюдали даже при опрыскивании проростков раствором селитры через семь суток после заражения ржавчинами.

Ранее было показано, что ряд факторов внешней среды модификационно изменяет вирулентность фитопатогенных грибов по типу фенотипов. В частности, соли азота во многих случаях «превращают» вирулентные генотипы возбудителей ржавчин в авирулентные. Использование данного явления в настоящей работе позволило доказать, что реакция сверхчувствительности растения в ответ на внедрение патогена экспрессируется не только на начальных этапах его взаимодействия с хозяином, но и значительно позже. Сроки, когда прекращается индукция сверхчувствительности, зависят как от генотипа растения, так и генотипа патогена. У некоторых сортов овса, пшеницы, ячменя наблюдали экспрессию реакции сверхчувствительности даже после семи дней взаимодействия с возбудителями ржавчин.

В ранее проведенных исследованиях было показано, что обработка растений как в лабораторных условиях, так и в поле раствором аммиачной селитры может приводить у ряда сортов к резкому снижению развития ряда болезней. Учитывая крайнюю узость генетического разнообразия злаковых культур по эффективной устойчивости к грибным листовым болезням, можно рекомендовать данный метод для снижения развития заболеваний. Настоящее исследование доказало, что такого рода обработка влияет не только на патогены, заражающие растение в короткий период непосредственно после опрыскивания раствором селитры, но и на уже паразитирующие в тканях хозяина грибы. Генетические различия в сроках индукции реакции сверхчувствительности позволяют вести отбор генотипов растений по данному признаку.

АНАЛИЗ ЮВЕНИЛЬНОЙ УСТОЙЧИВОСТИ К СТЕБЛЕВОЙ РЖАВЧИНЕ И ЖЕЛТОЙ ПЯТНИСТОСТИ ИНТРОГРЕССИВНЫХ ЛИНИЙ ЯРОВОЙ МЯГКОЙ ПШЕНИЦЫ

О. А. Баранова¹, Н. В. Мироненко¹, Н. М. Коваленко¹, С. Н. Сибикеев²

¹ Всероссийский научно-исследовательский институт защиты растений (ВИЗР), Санкт-Петербург, Россия, e-mail: baranova_oa@mail.ru

² Федеральный аграрный научный центр Юго-Востока (ФАНЦ Юго-Востока), Саратов, Россия

ANALYSIS OF JUVENILE RESISTANCE TO STEM RUST AND TAN SPOT IN INTROGRESSION LINES OF SPRING BREAD WHEAT

O. A. Baranova¹, N. V. Mironenko¹, N. M. Kovalenko¹, S. N. Sibikeev²

¹ All-Russian Institute of Plant Protection (VIZR), St. Petersburg, Russia, e-mail: baranova_oa@mail.ru

² Federal Center of Agriculture Research of the South-East Region, Saratov, Russia

Пшеница (*Triticum aestivum* L.) является одной из наиболее важных для человека зерновых культур. Значительному снижению урожая пшеницы способствуют заболевания, вызываемые грибными патогенами, такими как стеблевая и бурая ржавчины, желтая пятнистость и мучнистая роса. В 2025 г. стартовал наш проект РНФ № 25-16-00287, направленный на обеспечение генетической защиты пшеницы от этих патогенов, основанной на знании вирулентности популяций грибов, определения эффективных генов устойчивости к ним, анализе устойчивости селекционного материала и районированных сортов пшеницы, а также идентификации генов устойчивости к патогенам с использованием молекулярных маркеров. На первом этапе работы проведена оценка ювенильной устойчивости 80 интрогрессивных линий яровой мягкой пшеницы селекции ФАНЦ Юго-Востока к челябинской популяции стеблевой ржавчины 2024 года и чувашской популяции стеблевой ржавчины 2025 года (возбудитель *Puccinia graminis* f. sp. *tritici*), а также к тамбовской популяции желтой пятнистости 2024 года и пензенской популяции желтой пятнистости 2025 года (возбудитель *Pyrenophora tritici-repentis*).



Рис. 1. Устойчивость к желтой пятнистости (А) и стеблевой ржавчине (Б) интрогрессивных линий яровой мягкой пшеницы

В результате оценки ювенильной устойчивости в лабораторных условиях показано, что к челябинской популяции стеблевой ржавчины были устойчивы 15 линий (18,7 %) из 80 оцененных и к чувашской популяции патогена – 6 линий (7,5 %), к обеим популяциям стеблевой ржавчины были устойчивы 6 линий (7,5 %) (рис. 1). К тамбовской популяции

желтой пятнистости умеренно устойчивы 15 линий (18,7 %), устойчивы – 14 линий (17,5 %), к пензенской популяции гриба умеренно устойчивы 29 линий (36,2 %), устойчивы – 15 (18,7 %). К обеим популяциям желтой пятнистости умеренно устойчивы 6 линий (7,5 %), устойчивы – 7 линий (8,7 %). Линии с групповой устойчивостью к стеблевой ржавчине и желтой пятнистости не обнаружены.



Рис. 2. Идентификация генов устойчивости/восприимчивости в интрогрессивных линиях яровой мягкой пшеницы с использованием молекулярных маркеров

В результате молекулярного скрининга 80 интрогрессивных линий пшеницы на присутствие *Sr*-генов устойчивости к стеблевой ржавчине и гена восприимчивости к желтой пятнистости – *Tsn1* – в них идентифицированы гены: *Sr31* (в 5 % линий), *Sr24* (2,5 %), *Sr25* (56,2 %), *Sr28* (2,5 %), *Sr38* (6,2 %) и *Tsn1* (в 6,2 % линий) (рис. 2). Гены *Sr36*, *Sr57*, *Sr1A1R* не обнаружены. Работа продолжается.

Исследование выполнено за счет гранта Российского научного фонда № 25-16-00287, <https://rscf.ru/project/25-16-00287/>

**ОЦЕНКА УСТОЙЧИВОСТИ СОРТОВ И ЛИНИЙ ЯРОВОЙ МЯГКОЙ ПШЕНИЦЫ
СЕЛЕКЦИИ ДАЛЬНЕВОСТОЧНОГО ГАУ К СЕПТОРИОЗУ, ПИРЕНОФОРОЗУ
И ТЕМНО-БУРОЙ ПЯТНИСТОСТИ И ИДЕНТИФИКАЦИЯ АЛЛЕЛЕЙ ГЕНОВ
TSN1 И *SNN1***

Ю. В. Зеленева¹, Т. П. Колесникова², Н. М. Терёхин²

¹ Всероссийский научно-исследовательский институт защиты растений (ВИЗР), Санкт-Петербург, Россия, e-mail: zelenewa@mail.ru

² Дальневосточный государственный аграрный университет, Благовещенск, Россия, e-mail: zr@dalgau.ru

**EVALUATION OF RESISTANCE TO *SEPTORIA* BLOTCH, TAN SPOT, AND SPOT
BLOTCH IN SPRING BREAD WHEAT CULTIVARS AND LINES DEVELOPED
AT THE FAR EASTERN STATE AGRARIAN UNIVERSITY AND IDENTIFICATION
OF *TSN1* AND *SNN1* GENE ALLELES**

Yu. V. Zeleneva¹, T. P. Kolesnikova², N. M. Teryoxin²

¹ All-Russian Research Institute of Plant Protection (VIZR), St. Petersburg, Russia, e-mail: zelenewa@mail.ru

² Far Eastern State Agrarian University, Blagoveshchensk, Russia, e-mail: zr@dalgau.ru

Исследования проводили с целью оценки устойчивости районированных сортов и линий яровой мягкой пшеницы селекции Дальневосточного ГАУ к возбудителям септориоза, темно-бурой пятнистости и пиренофорозу; а также идентификации в генотипе сортов доминантных/рецессивных аллелей генов *Tsn1* и *Snn1*. Иммунологические испытания сортов и линий мягкой пшеницы осуществляли в лабораторных условиях во Всероссийском НИИ защиты растений (ВИЗР, г. Санкт-Петербург). Материалом для исследований служили 6 сортов и 6 селекционных линий яровой мягкой пшеницы селекции Дальневосточного ГАУ. В результате исследований были выявлены различные уровни устойчивости образцов к патогенам. Устойчивость к *Zymoseptoria tritici* проявили 2 сорта (ДальГАУ 2, Амурская 1495) и 3 селекционные линии (КСИ-6-24, КСИ-21-24, КСИ-26-24). Линия КСИ-25-24 продемонстрировала устойчивость к *Parastagonospora nodorum*. К *P. pseudonodorum* устойчивыми оказались 3 линии (КСИ-6-24, КСИ-21-24, КСИ-25-24). Высокую устойчивость к *Septoria triticolica* проявили линии КСИ-6-24 и КСИ-21-24, а сорт Амурская 90 и линии КСИ-22-24 и КСИ-25-24 показали устойчивость к фитопатогену (таблица).

Устойчивую реакцию (R) к *Pyrenophora tritici-repentis* продемонстрировали 4 сорта (ДальГАУ 1, ДальГАУ 2, Амурская 90, Амурская 1495) и одна селекционная линия (КСИ-26-24). Устойчивость на стадии проростков к *Bipolaris sorokiniana* проявили сорта ДальГАУ 3 и ДальГАУ 4, а также линии КСИ-22-24 и КСИ-25-24.

С помощью молекулярных маркеров Xfcp623 (Faris et al., 2010) и Xfcp624 (Bertucci et al., 2014), определяющих чувствительность растений к токсинам *P. nodorum* и *P. pseudonodorum* (ToxA и Tox1), установлено, что сорта ДальГАУ 1, ДальГАУ 2, ДальГАУ 4, Амурская 90 и Амурская 1495, а также линии КСИ-6-24, КСИ-22-24 и КСИ-25-24 имеют защиту от ToxA благодаря рецессивному аллелю *tsn1*. Сорт ДальГАУ 4 и линии КСИ-21-24, КСИ-22-24 и КСИ-25-24 несут рецессивный аллель *snn1*, обеспечивая защиту от токсина Tox1.

В весенне-летний период 2025 г. были проведены полевые испытания сортов в селекционных питомниках Дальневосточного аграрного университета по устойчивости к комплексу гемибиотрофов на естественном инфекционном фоне. Результаты полностью согласовывались с лабораторными оценками, однако интенсивность поражения сортов фитопатогенами в поле была ожидаемо ниже по сравнению с лабораторной оценкой.

Таблица. Интенсивность поражения септориозом (%) селекционного материала яровой мягкой пшеницы (*Triticum aestivum* L.) ($M \pm SD$)
Table. Blotch intensity (%) of the breeding material of spring common wheat (*Triticum aestivum* L.) ($M \pm SD$)

Название/селекционный номер линии (идентифицированные гены)	Лабораторная оценка, %			
	<i>Zymoseptoria tritici</i>	<i>Parastago-nodorum</i> (<i>ToxA</i> , <i>Tox1</i> , <i>Tox3</i> , <i>Tox267</i>)	<i>Parastago-nodorum pseudonodorum</i> (<i>ToxA</i> , <i>Tox1</i> , <i>Tox3</i>)	<i>Septoria trititicola</i>
Сорта пшеницы				
ДальГАУ 1 (<i>tsn1</i> , <i>Snn1</i>)	24 ± 5,5 (MS)	40 ± 10,0 (MS)	40 ± 10,0 (MS)	27 ± 2,7 (MS)
ДальГАУ 2 (<i>tsn1</i> , <i>Snn1</i>)	17 ± 2,7 (R)	32 ± 4,5 (MS)	68 ± 4,5 (S)	26 ± 5,5 (MS)
ДальГАУ 3 (<i>Tsn1</i> , <i>Snn1</i>)	26 ± 4,2 (MS)	50 ± 0,0 (S)	30 ± 0,0 (MS)	25 ± 0,0 (MS)
ДальГАУ 4 (<i>tsn1</i> , <i>snn1</i>)	30 ± 6,1 (MS)	27 ± 2,7 (MS)	40 ± 0,0 (MS)	24 ± 4,2 (MS)
Амурская 90 (<i>tsn1</i> , <i>Snn1</i>)	28 ± 2,7 (MS)	40 ± 0,0 (MS)	62 ± 11,0 (S)	17 ± 0,0 (R)
Амурская 1495 (<i>tsn1</i> , <i>Snn1</i>)	15 ± 5,0 (R)	42 ± 4,5 (MS)	68 ± 4,5 (S)	34 ± 5,5 (MS)
Селекционные линии				
КСИ-6-24 (<i>tsn1</i> , <i>Snn1</i>)	13 ± 4,5 (R)	40 ± 0,0 (MS)	19 ± 4,5 (R)	8 ± 2,2 (RR)
КСИ-21-24 (<i>Tsn1</i> , <i>snn1</i>)	15 ± 0,0 (R)	27 ± 2,7 (MS)	17 ± 2,7 (R)	8 ± 2,2 (RR)
КСИ-22-24 (<i>tsn1</i> , <i>snn1</i>)	40 ± 0,0 (MS)	27 ± 2,7 (MS)	40 ± 0,0 (MS)	17 ± 2,7 (R)
КСИ-25-24 (<i>tsn1</i> , <i>snn1</i>)	34 ± 8,2 (MS)	19 ± 2,7 (R)	16 ± 2,2 (R)	12 ± 2,7 (R)
КСИ-26-24 (<i>Tsn1</i> , <i>Snn1</i>)	16 ± 2,2 (R)	35 ± 5,0 (MS)	24 ± 5,5 (MS)	30 ± 0,0 (MS)
КСИ-35-24 (<i>Tsn1</i> , <i>Snn1</i>)	40 ± 0,0 (MS)	40 ± 0,0 (MS)	26 ± 5,5 (MS)	40 ± 0,0 (MS)

Примечание. Лабораторные испытания проведены в 2025 г. во Всероссийском НИИ защиты растений (ВИЗР, г. Санкт-Петербург). RR – высоко устойчивые, R – устойчивые, MS – умеренно восприимчивые, S – восприимчивые.

В дальнейшем, с инфекционных образцов (листьев пшеницы), поступивших в лабораторию микологии и фитопатологии ВИЗР, было изолировано в чистую культуру на картофельно-глюкозный агар (КГА) 77 моноконидиальных изолятов *P. nodorum*. Других видов – возбудителей септориоза пшеницы зарегистрировано не было. Видовая принадлежность изолятов подтверждена с помощью праймеров YPEL_Pn / YPEL_Par (Казарцев, Зеленева, 2025).

Впервые были изучены изоляты популяции *P. nodorum* из Амурской области на наличие генов, продуцирующих токсины *ToxA*, *Tox1*, *Tox3*, *Tox5*, *Tox267*. Изоляты гриба имели как единичные гены, отвечающие за производство токсинов, так и их сочетания. Проведенная работа позволит в дальнейшем грамотно подбирать изоляты для инокулюма при оценке селекционного материала пшеницы в Амурской области.

ИДЕНТИФИКАЦИЯ АЛЛЕЛЕЙ ГЕНА *Rf2* У ОБРАЗЦОВ И ГИБРИДОВ ЗЕРНОВОГО СОРГО (*Sorghum bicolor* (L.) Moench)

Е. Е. Радченко¹, А. С. Малашенок^{1,2}, И. Н. Анисимова¹, М. К. Рязанова¹,
В. В. Васипов¹, О. И. Романова¹, Н. В. Алпатьева¹

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

²Ленинградский государственный университет имени А.С. Пушкина, Санкт-Петербург, Россия, e-mail: malashonokas2005@rambler.ru

IDENTIFICATION OF *Rf2* GENE ALLELES IN ACCESSIONS AND HYBRIDS OF GRAIN SORGHUM (*Sorghum bicolor* (L.) Moench)

E. E. Radchenko¹, A. S. Malashonok^{1,2}, I. N. Anisimova¹, M. K. Ryazanova¹,
V. V. Vasipov¹, O. I. Romanova¹, N. V. Alpatieva¹

¹ Federal Research Center N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources (VIR),
St. Petersburg, Russia

² Pushkin Leningrad State University, St. Petersburg, Russia,
e-mail: malashonokas2005@rambler.ru

Сорго *Sorghum bicolor* (L.) Moench – засухоустойчивая и солевыносливая культура, которая может быть адаптирована к разным эколого-географическим условиям, в том числе – к экстремально высоким температурам. Сорго неприхотливо, оно оздоравливает почву (например, уменьшает ее засоленность) и является хорошим предшественником для других злаков. Урожайность сорго значительна и может достигать 100 ц/га, что сравнимо с урожайностью кукурузы. Сорго является основным продуктом питания для 500 миллионов человек в тропических районах Африки и Азии, где веками использовалось для производства хлеба, каши и местных напитков. В России сорго выращивают на юге страны (Краснодарский край, Ставропольский край, Ростовская область) и используют, главным образом, в кормопроизводстве, а также в пищевой промышленности для изготовления безглютеновых продуктов. В настоящее время селекция сорго направлена на получение высокоурожайных гибридов. Коммерческие гибриды сорго F₁ получают с использованием системы цитоплазматической мужской стерильности (ЦМС) А1, впервые описанной Стивенсом и Холландом (Stephens, Holland, 1954). Это трехлинейная система. Стерильная линия А и линия – закрепитель стерильности В имеют практически идентичный ядерный геном, но разные типы цитоплазмы. Фертильный гибрид F₁ получают путем скрещивания стерильной линии А с фертильной линией – восстановителем R. По данным Klein et al. (2005) и Jordan et al. (2010, 2011) для R-линий сорго, востребованных в селекции, характерно большое разнообразие, в то время как пул В-линий ограничен. Их получение – трудоемкий длительный процесс. Кроме того, источниками В-линий является преимущественно кафрское сорго, которое обладает более узкой генетической изменчивостью по сравнению с другими видами культивируемого сорго (Menz et al., 2004; Deu et al., 2006). В связи с этими ограничениями основной стратегией расширения разнообразия пула В-линий является использование уже существующих линий закрепителей стерильности и скрещивание их с новыми R-линиями, обладающими востребованными в селекции признаками.

В коллекции ВИР восстановительной способностью обладают образцы хлебного сорго из Китая (Джугара белая). На их основе нами получены новые восстановители: две линии F₁₂–F₁₅ BC₁–BC₂ (Низкорослое 81с × 929-3) и 6 линий F₁₁–F₁₄ BC₁–BC₂ (Низкорослое 81 × 928-1). Ранее было показано, что они обладают ценными хозяйственными признаками: устойчивостью к ключевому вредителю – обыкновенной злаковой тле, разнообразны по срокам выметывания и созревания зерна, характеризуются высокими показателями

качества муки, сопоставимыми с современными линиями, т. е. могут быть рекомендованы для привлечения в селекционные программы по получению родительских линий с заданными свойствами. Ключевой момент в получении В-линий – отбор фертильных генотипов, несущих рецессивный аллель гена восстановления фертильности пыльцы. Ранее нами было показано, что восстанавливающую способность линий 929-3 и 928-1, отобранных из коллекционных образцов к-929 и к-928, определяет ген *Rf2*. Существует несколько эффективных молекулярных маркеров разных типов, позволяющих дифференцировать аллели этого гена (рисунок). С помощью SSR-маркеров мы идентифицировали аллели *Rf2* у девяти образцов Джугары белой из коллекции ВИР (к-924, к-928, к-929, к-930, к-931, к-933, к-1243, к-1251, к-1150) и у восьми новых линий-восстановителей (R-928-1, R-928-2, R-928-3, R-928-4, R-928-5, R-928-6, R-929-1, R-929-2). Как и следовало ожидать, линии-закрепители, взятые нами в качестве контролей (Низкорослое 81ф, В-83, В-10598), несли рецессивный аллель *rf2*, а исследованные растения коллекционных образцов и новые линии-восстановители фертильности – доминантный.

Получение гибридов F₁ с известными линиями-закрепителями, например, Низкорослое 81ф, В-83, В-10598, с последующим отбором в популяции F₂ фертильных генотипов с рецессивным аллелем *rf2* позволит получить новые линии-закрепители с агрономически ценными признаками (рисунок).

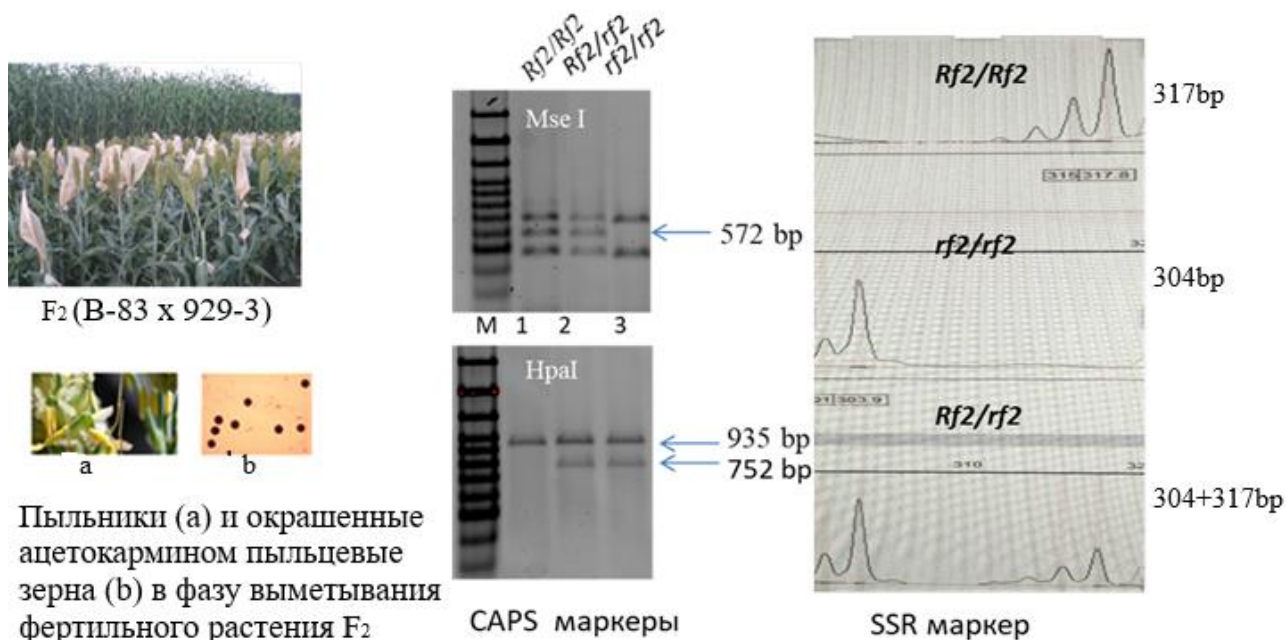


Рисунок. Идентификация растений с аллелем *rf2* в расщепляющейся популяции F₂

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.

GENOME-WIDE ASSOCIATION STUDY REVEALS NOVEL GENETIC LOCI GOVERNING SOY ISOFLAVONOID CONTENT IN WILD SOYBEAN (*Glycine soja*)

Muhammad Amjad Nawaz¹, Gyuhwa Chung², K. S. Golokhvast¹

¹ Higher Engineering School of Agrobiotechnology, National Research Tomsk State University, Tomsk, Russia

² Korea Soybean Research Institute, Gyeongsangnam-do, Jinju, Republic of Korea, e-mail: amjad_ucauos@yahoo.com

ПОЛНОГЕНОМНЫЙ АНАЛИЗ АССОЦИАЦИЙ ВЫЯВИЛ НОВЫЕ ЛОКУСЫ, ОПРЕДЕЛЯЮЩИЕ СОДЕРЖАНИЕ ИЗОФЛАВОНОИДОВ СОИ В ДИКОЙ СОЕ

Мухаммад Амджад Наваз¹, Гюхва Чунг², К. С. Голохваст¹

Высшая инженерная школа агробиотехнологий Национального исследовательского Томского государственного университета, Томск, Россия

Корейский научно-исследовательский институт сои, Кенсан-Намдо, Джинджу, Республика Корея, e-mail: amjad_ucauos@yahoo.com

Isoflavones are valuable phytochemicals in soybean with demonstrated benefits for human health and plant defense. While their biosynthesis is genetically determined, the genetic architecture in wild soybean (*Glycine soja*), the progenitor of cultivated soybean, remains largely unexplored. This study employed a genome-wide association approach to dissect the genetic basis of isoflavone content in a diverse panel of 285 wild soybean accessions originating from four East Asian countries. Using the SoySNP6K array, 5,372 high-quality SNPs were identified after rigorous quality control. Quantification of six major isoflavones (daidzin, glycitin, genistin, and their malonyl conjugates) and total content via HPLC revealed substantial natural variation. A linear mixed model identified eight significant SNP-trait associations exceeding the Bonferroni threshold ($-\log_{10}(P) > 3.265$) for five traits. Notably, all associated loci were novel, with no overlap to previously reported QTLs from cultivated or mutant populations, underscoring the unique genetic reservoir of wild germplasm. A prominent locus on chromosome 14 (A_G , $P = 5.60 \times 10^{-8}$) was significantly associated with multiple soy isoflavonoids contents. Haplotype analysis confirmed significant phenotypic effects for five traits at this locus ($P < 0.05$). Linkage disequilibrium decay ($r^2 = 0.2$ at 50 kb) defined candidate regions harboring 12 genes, none of which were related to previously known isoflavone pathway genes. This study provides the first comprehensive GWAS of isoflavones in a wild soybean population, revealing previously less explored genetic sources enhancing our understanding of the evolutionary genetics of specialized metabolism.

Изофлавоны являются ценными фитохимическими веществами, содержащимися в сое, и их польза для здоровья человека и защиты растений доказана. Хотя их биосинтез определяется генетически, генетическая структура дикой сои (*Glycine soja*), прародительницы культивируемой сои, остается в значительной степени неизученной. В этом исследовании использовался общегеномный ассоциативный подход для анализа генетической основы содержания изофлавонов в разнообразной группе из 285 образцов дикой сои, происходящих из четырех стран Восточной Азии. Используя матрицу высококачественных SNP. Количественный анализ шести основных изофлавонов (даидзина, глицитина, генистина и их малониловых конъюгатов) и их общего содержания с помощью ВЭЖХ выявил существенные естественные различия. Линейная смешанная модель выявила восемь значимых ассоциаций SNP-признака, превышающих порог Бонферрони ($-\log_{10}(P) > 3,265$) для пяти признаков. Примечательно, что все

ассоциированные локусы были новыми и не совпадали с ранее описанными QTL культивируемых или мутантных популяций, что подчеркивает уникальный генетический потенциал дикой зародышевой плазмы. Выраженный локус на хромосоме 14 (A_G, $P = 5,60 \times 10^{-5}$) был в значительной степени связан с содержанием множества изофлавоноидов. Анализ гаплотипов подтвердил значимые фенотипические эффекты для пяти признаков в этом локусе ($P < 0,05$). Нарушение равновесия по сцеплению ($r^2 = 0,2$ при 50 т. п. н.) определило области-кандидаты, содержащие 12 генов, ни один из которых не был связан с ранее известными генами изофлавонового пути. Это исследование представляет собой первое всестороннее исследование изофлавонов в популяции дикой сои, выявляющее ранее менее изученные генетические источники, расширяющие наше понимание эволюционной генетики специализированного метаболизма.

ТРАНСКРИПТОМНЫЙ АНАЛИЗ ОТВЕТА НА ЗАСУХУ В СЕМЕНАХ ГУАРА (*Cyamopsis tetragonoloba* (L.) Taub.)

Е. А. Зорин^{1,2}, В. А. Жуков^{1,2}, М. А. Вишнякова¹

¹ Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова (ВИР), Санкт-Петербург, Россия,
e-mail: ezorin@arriam.ru

² Всероссийский научно-исследовательский институт сельскохозяйственной микробиологии (ВНИИСХМ), Санкт-Петербург, Россия

TRANSCRIPTOMIC ANALYSIS OF DROUGHT RESPONSE IN GUAR SEEDS (*Cyamopsis tetragonoloba* (L.) Taub.)

Е. А. Zorin^{1,2}, V. A. Zhukov^{1,2}, M. A. Vishnyakova¹

¹ N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources (VIR), St. Petersburg, Russia,
e-mail: ezorin@arriam.ru

² All-Russia Research Institute for Agricultural Microbiology (ARRIAM),
St. Petersburg, Russia

Гуар (*Cyamopsis tetragonoloba* (L.) Taub.) – это однолетняя бобовая культура, которая находит применение как в промышленности, так и в научных исследованиях. Семена гуара содержат особый водорастворимый углевод – камедь. Ее используют как натуральный загуститель, стабилизатор и эмульгатор в пищевой, текстильной, бумажной, косметической и фармацевтической промышленности. Кроме того, камедь имеет стратегическое значение для нефтяной промышленности и горнодобывающей отрасли.

Чтобы успешно выращивать гуар в новых для него регионах, необходимо выявить генотипы, которые лучше всего приспособятся к местным условиям, особенно к нехватке воды. Для этого важно изучить молекулярно-генетические механизмы, позволяющие растению сопротивляться засухе, а также генетические детерминанты, ассоциированные с проявлением данного признака. Однако подобные исследования гуара в данный момент немногочисленны, а геномные и транскриптомные данные очень скудны. Засуха – это огромная проблема для сельского хозяйства во всем мире, она приводит к колоссальным потерям урожая. Чтобы с ней бороться, критически важно искать и создавать устойчивые сорта. Но делать это нужно с пониманием, как работает сама устойчивость. Здесь большую роль играют омиксные, в том числе транскриптомные, исследования семян в условиях засухи. Особенно учитывая, что на гуаре таких исследований до сих пор не проводилось.

Настоящая работа посвящена анализу транскриптомных изменений в семенах гуара у контрастных по устойчивости к засухе генотипов. В работе использовали устойчивый к засухе генотип J.C.3118 (к-52938), нейтральный Suvti (к-52891) и чувствительный Local (к-52924). На предварительном этапе анализа была использована референсная сборка генома гуара, на которую были картированы прочтения из общедоступных библиотек РНК секвенирования семян гуара с целью реконструировать гены. Для анализа экспрессии генов были использованы прочтения высокого качества, полученные нами методом 3'-MACE секвенирования в ходе выполнения эксперимента.

В результате было показано, что в семенах всех трех генотипов активируются гены, связанные с биосинтезом различных сахаров и галактинола, однако в семенах устойчивого генотипа активируется большее число ассоциированных с этими веществами генов. Кроме того, у устойчивого и нейтрального генотипов активируется большее число генов, связанных с формированием и активностью липидных капель; у устойчивого генотипа наблюдается активация генов, связанных с созреванием семян. Вместе, это может свидетельствовать, что стратегия ускоренного созревания семян активируется как механизм сопротивления засухе, а формирование липидных капель и накопление в них

специфичных белков является, как минимум, маркером ответа на засуху и, возможно, способом адаптации.

Работа выполнена в рамках гранта Российского Научного Фонда № 23-16-00195.

КОЛЛЕКЦИЯ ГУАРА ВИР КАК РЕСУРС АДАПТИВНЫХ ГЕНОТИПОВ ДЛЯ ВЫРАЩИВАНИЯ КУЛЬТУРЫ В РОССИИ

М. А. Вишнякова

Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических
ресурсов растений имени Н.И. Вавилова (ВИР), Санкт-Петербург, Россия,
e-mail: m.vishnyakova@vir.nw.ru

THE GUAR COLLECTION AT VIR AS A RESOURCE OF ADAPTIVE GENOTYPES FOR CULTIVATION IN RUSSIA

M. A. Vishnyakova

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

Гуар (*Cyamopsis tetragonoloba* (L.) Taub.) – бобовое растение субтропического происхождения интродуцировано в РФ в начале 2000-х. Его важное стратегическое значение определяется содержанием в семенах камеди – полисахарида галоктоманнана, используемого в разных отраслях народного хозяйства, в том числе в нефте- и газодобывающей промышленности. За 10–12 лет культивирования гуара в ряде южных регионов РФ в ограниченных пока масштабах, получено достаточно оптимистичное представление о возможности его производства в нашей стране с целью получения собственной камеди. Сегодня Россия занимает второе место в мире по импорту этого продукта после США (Guar Gum Market, 2025).

Репутация гуара как засухоустойчивой культуры далеко не однозначна. Поэтому в задачи нашего исследования входило изучение отношения растений гуара к засухе. Для этого в 2023–2025 гг. выборку из коллекции гуара ВИР фенотипировали на полях Волгоградской ОС на поливе (П) и при искусственно созданной засухе (З) – прекращении полива в начале плодообразования. Попадание естественных осадков исключалось. В выборку входило 30 образцов по принципу максимальной репрезентативности коллекции.

Во время уборки осуществляли анализ структуры семенной продуктивности: измерения 5–7 растений по 11 хозяйственно ценным признакам (стебель – длина, число ветвей, число узлов со зрелыми бобами, число узлов с незрелыми бобами; число бобов в узле; масса зрелых бобов с растения; длина боба; число семян в бобе; масса семян с растения; масса 1000 семян, вызреваемость). По всем фенотипическим признакам были вычислены описательные статистики, проведено сравнение признаков структуры урожая с помощью дисперсионного анализа, определены связи признаков структуры семенной продуктивности. Статистические расчеты проводили с применением программы STATISTICA v.10.

Выявлены признаки с разной степенью изменчивости на П и З. Признаки, показывающие в обоих режимах вариабельность средней степени: высота растения, длина боба, число семян в бобе и масса 1000 семян, детерминируются в основном генотипом образца, условия среды на них влияют слабо. Семенная продуктивность растения (масса семян/растение, г) – сильно варьирующий признак, в большой степени зависящий от среды. В нашем исследовании размах изменчивости признака суммарно на обоих режимах составил для отдельных растений от 3,0 г до 50,8 г/растение. По этому результирующему признаку образцы гуара в режимах З и П разделились на три категории: высокая семенная продуктивность в режиме П – низкая на З; высокая продуктивность на З – низкая на П; сравнимые значения признака на обоих режимах. Первая группа обозначена как чувствительная к засухе, вторая – толерантная к стрессору и третья как

индифферентная/нейтральная. Выявленная в первый год дифференциация подтвердилась и в последующие годы.

У изученных образцов определяли также содержание белка и камеди в семенах, посевные качества семян (всхожесть и энергию прорастания), азотфиксирующую эффективность, интенсивность микоризации арбускулярной микоризой на обоих режимах (П и З). Характерно, что толерантные к засухе образцы проявили преимущество по сравнению с чувствительными к ней по целому ряду параметров. Это сравнительно высокая продуктивность на З и П, более высокие посевные качества семян, выращенных на засухе, лучшие характеристики камеди (в частности, бóльшая вязкость), более высокая интенсивность микоризации арбускулярной микоризой. Определены лучшие и стабильные по изученным параметрам образцы.

Наше исследование особенностей биологии гуара в условиях РФ может дополнить существующие практики его выращивания научно обоснованными данными о дифференциации его генофонда по степени адаптивности и адресно использовать образцы коллекции ВИР в качестве исходного материала для селекции.

Исследование выполнено при финансовой поддержке РНФ в рамках научного проекта 23-16-00195 от 15 мая 2023 г.

**ВЫЯВЛЕНИЕ ПОЛИМОРФИЗМА ЗАПАСНЫХ БЕЛКОВ СЕМЯН
ДЛЯ ПАСПОРТИЗАЦИИ И ОПРЕДЕЛЕНИЯ АУТЕНТИЧНОСТИ ОБРАЗЦОВ
ДОННИКА (*Melilotus* Mill.) С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ МЕТОДА
SDS-ЭЛЕКТРОФОРЕЗА**

М. М. Попихина, Э. Э. Егги

Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов
растений имени Н.И. Вавилова (ВИР), Санкт-Петербург, Россия,
e-mail: mafunya7@mail.ru

**IDENTIFICATION OF POLYMORPHISM IN SEED STORE PROTEINS
FOR CERTIFICATION AND DETERMINATION OF AUTHENTICITY AMONG
SWEET CLOVER (*Melilotus* Mill.) ACCESSIONS USING SDS ELECTROPHORESIS**

M. M. Popikhina, E. E. Eggi

N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources (VIR), St. Petersburg, Russia,
e-mail: mafunya7@mail.ru

При работе с коллекциями генетических ресурсов растений принципиально важными являются проблемы точной таксономической идентификации образцов на видовом, внутривидовом уровнях, сохранения их аутентичности в процессе многолетнего хранения и неоднократного репродуцирования (Конарев, 2000). Решение этих задач на фенотипическом уровне часто затруднительно, особенно для коллекции рода *Melilotus* Mill., обладающего большим внутривидовым полиморфизмом, так как этот род включает как однолетние самоопыляемые, так и двулетние перекрестноопыляемые формы. Донник – кормовая культура, отличающаяся высокой адаптивностью, соле- и засухоустойчивостью, которая может произрастать на бедных и засоленных почвах, там, где другие бобовые не выживают. Род обладает огромным генетическим разнообразием, что, с одной стороны, представляет сложность для идентификации, а с другой – делает его ценным ресурсом для селекции, особенно малокумаринные виды, такие как донник зубчатый (*M. dentatus*) (Бобров, 1945). Для повышения эффективности работы с коллекцией, а также для контроля за чистотой образцов при регулярных пересевах в процессе поддержания коллекции возможно использование белковых паспортов, созданных при регистрации и анализе полипептидных (белковых) спектров семян, получаемых электрофорезом в 12,5-процентном полиакриламидном геле (ПААГ) с додецилсульфатом натрия (SDS) по Лаемли (1970). Методика была эффективна при работе с люпином узколистным, козлятником восточным и викой посевной (Егги, 2012, 2013, 2016). Нами разрабатывается методика видовой идентификации с использованием SDS-электрофореза для рода *Melilotus*. Образцы из коллекции ВИР, участвующие в создании паспортов, относятся к 16 видам, среди которых 7 – однолетние самоопыляемые и 9 – двулетние перекрестноопыляемые. Каждый вид представлен 1–5 образцами, в зависимости от количества образцов в коллекции. Определенную сложность для SDS-электрофореза представляют перекрестноопыляющиеся растения вследствие высокой гетерогенности и полиморфизма их белковых спектров. При работе с видами донника, помимо получения спектров из муки отдельных семян, анализировали спектры муки из 20, 50 200 семян. Такая манипуляция позволяла получать суммарные спектры образца или вида. Компоненты полученных полипептидных спектров регистрировали в виде цифровых позиций с помощью «соевой шкалы». На основе специфичности полипептидных спектров изученного семенного материала нам представляется возможным создание паспортов для образцов донника коллекции ВИР.

ИЗМЕНЧИВОСТЬ ФЕРТИЛЬНОСТИ ПЫЛЬЦЫ В РЯДЕ ПОКОЛЕНИЙ У ГИБРИДОВ, ПОЛУЧЕННЫХ НА ОСНОВЕ ЦМС-ЛИНИЙ

О. Н. Воронова¹, В. А. Гаврилова², И. Н. Анисимова²

¹ Ботанический институт им. В.Л. Комарова Российской академии наук (БИН РАН),
Санкт-Петербург, Россия, e-mail: o_voronova@binran.ru

² Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов
растений имени Н.И. Вавилова (ВИР), Санкт-Петербург, Россия

VARIABILITY OF POLLEN FERTILITY IN A NUMBER OF GENERATIONS IN HYBRIDS OBTAINED ON THE BASIS OF CMS LINES

O. N. Voronova¹, V. A. Gavrilova², I. N. Anisimova²

¹ Komarov Botanical Institute of the Russian Academy of Sciences (BIN RAS), St. Petersburg,
Russia, e-mail: o_voronova@binran.ru

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

Исследовался характер наследования признака восстановления фертильности пыльцы, контролируемого локусом *Rf1*, у гибридов F₂ и F₃, полученных на основе стерильной линии ВИР 116А (ЦМС РЕТ1), опыленной линией ВИР 195 – восстановителем фертильности пыльцы из генетической коллекции подсолнечника ВИР. Гибриды были выращены на полях научно-производственной базы «Пушкинские и Павловские лаборатории ВИР» (Санкт-Петербург, Пушкин): F₁ – в 2013 г., популяции F₂ – в 2020 и 2023 г., популяция F₃ – в 2023 и 2024 г. Растения из семьи 1 поколения F₂ выращивались только в 2020 г., а растения из семьи 2 – в 2020 и в 2023 г.

Соотношение числа фертильных (продуцирующих пыльцу) и стерильных (не образующих пыльцу) растений в каждой из проанализированных семей F₂ и F₃ гибридов (ВИР 116А × ВИР 195) оказалось близким к менделевскому расщеплению 3 : 1, ожидаемому при моногенном характере наследования признака.

Известно, что гибриды F₁ от скрещивания ЦМС-линии подсолнечника, обладающей цитоплазмой РЕТ1, с отцовской фертильной линией восстанавливают мужскую фертильность при условии, если они получили от пыльцевого родителя доминантный аллель гена *Rf1*. Линия ВИР 116А является носителем рецессивного аллеля *rf1*, а в генотипе линии ВИР 195 присутствует доминантный аллель *Rf1*, что ранее было подтверждено с помощью диагностических молекулярных маркеров. Расщепление на фертильные и стерильные растения по фенотипу (признак фертильность/стерильность) в семье F₃ можно объяснить тем, что растение F₂, от самоопыления которого она получена, было гетерозиготным по аллелям гена *Rf1*.

Результаты цитологического анализа убедительно доказали, что среди гибридных растений F₂ и F₃, отнесенных к фертильному фенотипу, признаки качества пыльцы – степень дефектности пыльцы (СДП) и диаметр пыльцевых зерен (рис. 1) – могут иметь значительную гетерогенность с тенденцией к выравниванию по этому показателю в поколении F₃. Диапазон изменчивости по СДП был от 1 до 92 % (рис. 2) и укладывался в три группы: с СДП менее 25 %, с СДП от 25 до 50 %, с СДП более 50 %.

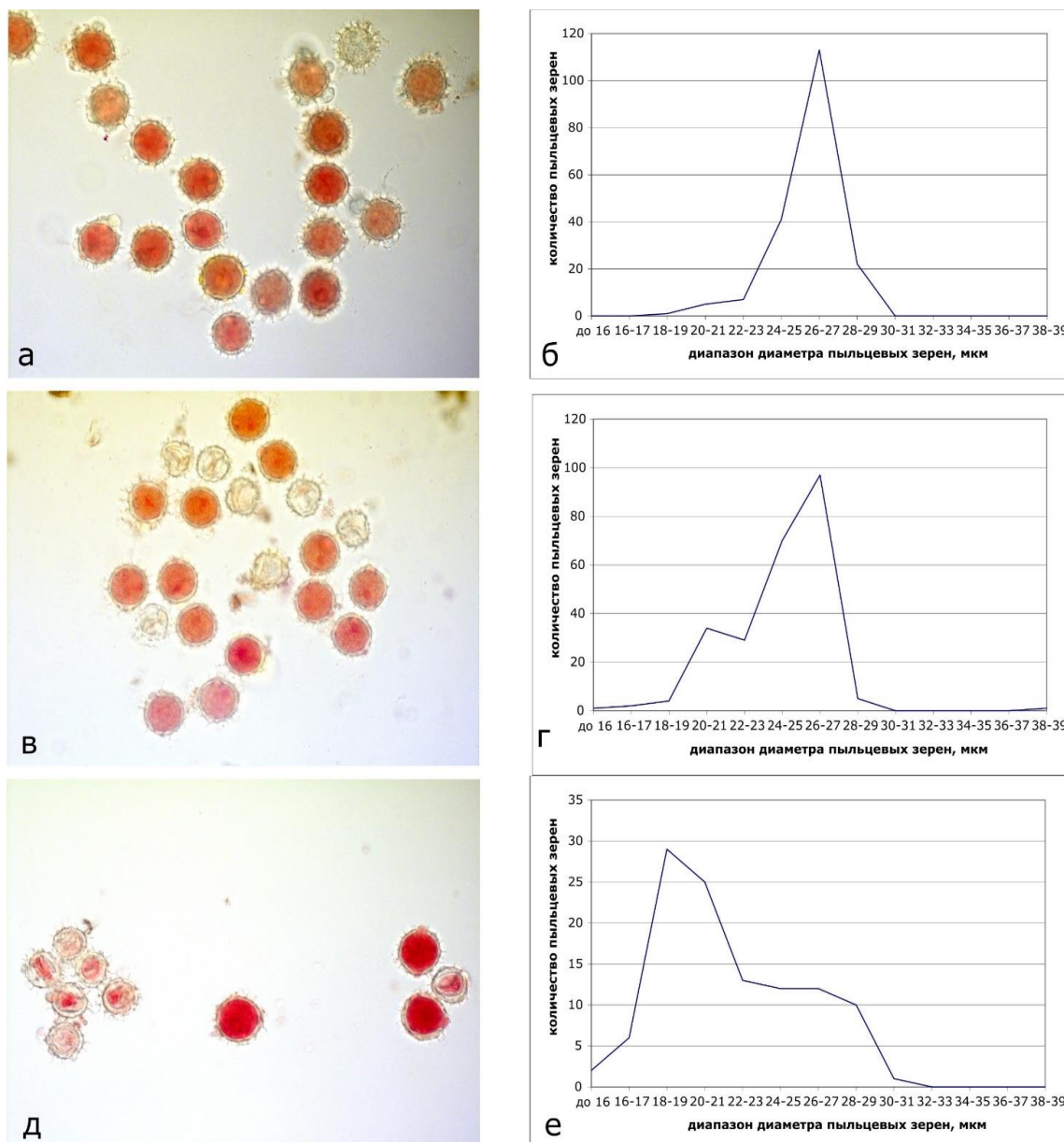


Рис. 1. Пыльца растений гибридов F_2 (ВИР 116А \times ВИР 195):

а, в, д – микрофотографии, **б, г, е** – вариационные кривые по диаметру пыльцевых зерен.

а, б – растение с СДП 8 %; **в, г** – растение с СДП 30 %; **д, е** – растение с СДП 71 %

К первой группе – растения с низким индексом СДП – отнесли растения с пыльцой хорошего качества и нормальным распределением с хорошо выраженным одним пиком на графике вариационного ряда по диаметру пыльцы. Ко второй – растения со средним показателем СДП 25–50 % и заметным отклонением от нормального распределения, которое проявлялось в виде дополнительных пиков или плато в левой части, свидетельствующих об увеличенном количестве стерильных или дефектных пыльцевых зерен. График вариационного ряда растений третьей группы – растений с высоким индексом СДП – заметно отличается от нормального и, при значительном количестве дефектной пыльцы, появляются выступы с обеих сторон от центрального пика, что связано с наличием гигантских пыльцевых зерен (макро-пыльцы) и совсем мелких пыльцевых зерен (микро-пыльцы), соответственно.

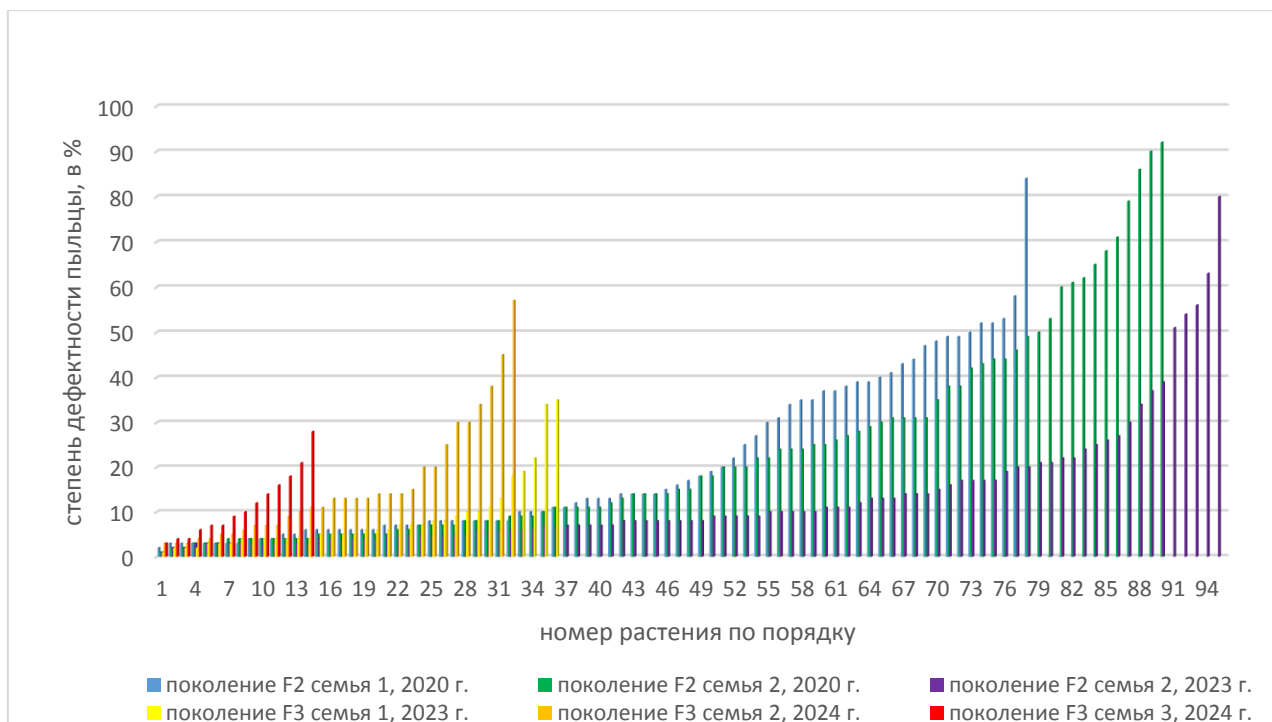


Рис. 2. Распределение растений с разной СДП среди двух семей F₂ и трех семей F₃ гибридов ВІР 116 × ВІР 195 в разные годы выращивания

Были выявлены различия по распределению растений с разным уровнем СДП между растениями из семей 1 и 2 поколения F₂, и среди растений семьи 2, выращенных в 2020 и в 2023 г. В данном случае, поскольку эти популяции выращивались в разные годы (2020 и 2023), нельзя сбрасывать со счетов и влияние погодных условий на качество пыльцы. В семье 1 наблюдалось меньше растений с высоким значением СДП, по сравнению с семьей 2. Внутри семьи 2 меньше растений с высоким показателем СДП отмечалось в 2023 г.

Обращает внимание, что в поколении F₃ не было обнаружено растений с высоким СДП (более 50 %), со средними СДП (25–50 %) было мало, большинство растений в каждой из семей (от 81 до 94 % от общего числа растений) имели пыльцу хорошего качества, то есть произошло выравнивание по этому признаку по сравнению с поколением F₂.

Таким образом, растения, относящиеся к фенотипическому классу «фертильные», могут иметь разные показатели качества пыльцы, в том числе иметь высокий индекс СДП. Это может быть связано с влиянием гомозиготного или гетерозиготного состояния по гену *Rf* на качество пыльцы, продуцированной гибридами.

Работа выполнена в рамках государственного задания БИН РАН «Поливариантность морфогенетических программ развития репродуктивных структур растений, регуляция морфопрцессов in vivo и in vitro» (2024-2028) № 124013100862-0 и государственного задания согласно тематическому плану ВІР по проекту № FGEM – 2022-0005 «Растительные ресурсы масличных и прядильных культур ВІР как основа теоретических исследований и их практического использования».

ГЕНЕТИЧЕСКОЕ РАЗНООБРАЗИЕ КАРЛИКОВЫХ ЛИНИЙ ПОДСОЛНЕЧНИКА (*Helianthus annuus* L.) КОЛЛЕКЦИИ ВИР

**М. К. Рязанова, Н. В. Алпатьева, В. А. Гаврилова, Е. Б. Кузнецова,
И. Н. Анисимова**

Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов
растений имени Н.И. Вавилова (ВИР), Санкт-Петербург, Россия,
e-mail: m.ryazanova@vir.nw.ru

GENETIC DIVERSITY OF DWARF SUNFLOWER (*Helianthus annuus* L.) LINES FROM THE VIR COLLECTION

M. K. Ryazanova, N. V. Alpatieva, V. A. Gavrilova, E. B. Kuznetsova, I. N. Anisimova

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

Подсолнечник однолетний *Helianthus annuus* L. – основная масличная культура в Российской Федерации и мире. Одним из ключевых направлений в селекции подсолнечника является создание технологичных, устойчивых к полеганию гетерозисных гибридов, пригодных для механизированной уборки и устойчивых к биотическим и абиотическим стрессам. В этой связи использование карликовых линий подсолнечника в качестве родительских форм для создания гибридов весьма перспективно. Гибриды, полученные с участием карликовых линий, проявляют гетерозис по высоте растений, но имеют более низкие показатели высоты по сравнению с гибридами от скрещиваний высокорослых линий. Кроме того, карликовые линии подсолнечника представляют значительный интерес для декоративного садоводства и ландшафтного дизайна благодаря своей компактности, обильному и продолжительному цветению. Изучение генетического контроля признака низкорослости, морфофизиологических особенностей и хозяйственно ценных свойств карликовых линий актуально.

Перспективным материалом для изучения являются образцы подсолнечника из коллекции ВИР, в которой имеется около 40 линий с различной выраженностью признака, в том числе 15 стабильно проявляющих короткостебельный фенотип (рис. 1).



Рис. 1. Разнообразие карликовых линий в коллекции ВИР: А – ВИР 171, Б – ВИР 253, В – ВИР 272, Г – ВИР 328 (Гаврилова, Анисимова, 2003)

Методом гибридологического анализа установлено, что короткостебельность линий коллекции обусловлена разными генетическими системами, проявление которых выражается в различиях по числу листьев, длине междоузлия и высоте растения (Есаев, 1998; Гаврилова, Анисимова, 2003). Информация о молекулярно-генетических механизмах формирования признака карликовости подсолнечника очень ограничена, мутации, определяющие развитие

короткостебельного фенотипа у линий подсолнечника коллекции ВИР, неизвестны, молекулярно-генетическое разнообразие короткостебельных линий коллекции ВИР не изучено.

Известно, что многие низкорослые сорта растений, в частности, участвовавшие в «зеленой революции» 1960–1970-х гг. несли мутации в генах, ответственных за метаболизм или передачу сигнала фитогормона гиббереллина (ГА). Низкий рост может быть связан с нарушениями биосинтеза ГА или с накоплением репрессоров ГА-сигналинга – DELLA-белков (Билова и др., 2016). Растения, мутантные по генам DELLA, не реагируют на обработку экзогенным гиббереллином, тогда как у растений с нарушениями биосинтеза и сигналинга гиббереллинов наблюдается восстановление роста.

Материалом для выяснения реакции растений на обработку экзогенным гиббереллином служили короткостебельные линии ВИР 171 (к-2792), ВИР 789 (к-3702), ВИР 319 (к-3417), ВИР 665 (к-3492), семена которых были высеяны контролируемых условиях в климатической камере (25°C, влажность 60 %) в разных сосудах. При появлении вторых настоящих листьев один раз в неделю обрабатывали растения капельно (по 10 µl) раствором ГА концентрации 0,015 %. Обработки проводили в течение нескольких недель, вплоть до раскрытия корзинки. Восстановление нормального роста ожидали в случае, если линия мутантна по генам, вовлеченным в биосинтез ГА. В наших экспериментах обработка ГА не привела к изменению высоты ни одной из изученных карликовых линий. Можно предположить, что признак низкорослости всех четырех генотипов не связан с нарушениями биосинтеза ГА, а более вероятной причиной являются мутации в генах передачи сигнала гиббереллина (например, в генах DELLA-белков), при которых синтез ГА не нарушен, но она не участвует в ростовых процессах.

Материал для изучения генетического разнообразия включал 27 короткостебельных и 7 высокорослых линий из коллекции ВИР. В молекулярно-генетическом анализе использовали 20 ПЦР-маркеров (STS, SSR, SCAR, PAMPA) следующих генов, ассоциированных с важными биологическими и хозяйственными признаками:

1. Доминантные и рецессивные аллели гена локуса *Rf1* (LG 13), контролирующего восстановление фертильности пыльцы в цитоплазматической мужской стерильности (ЦМС) PET1-типа (67N04, PPR621.5R, PPR621.5M, HRG01, HRG02, ORS511, ORS630, ORS317);
2. Митохондриальный ген *orfH522*, ассоциированный со стерильным типом цитоплазмы (маркер *orfH522*);
3. Гены, контролирующие устойчивость к большому числу рас возбудителя ложной мучнистой росы *Plasmopara halstedii*: *Pl5/Pl8*, LG 13 (HA-P1), *Pl6*, LG 8 (HaP3), *Pl8*, LG 13 (HA4011), *Plarg*, LG 1 (ORS716);
4. Гены устойчивости к возбудителю ржавчины *Puccinia helianthi*: *Radv*, LG 13 (SCO04, SCX_20), *R1*, LG 8 (SCT06);
5. Ген устойчивости к заразику *Orobanchе cumana* *HaOr7*, LG 7 (RORs1, SORs9);
6. Гены, ассоциированные с признаком карликовости *HaKAO1*, LG 8 (COS/FIN2), *HaDELLA1*, LG 12 (CAPS-маркер G-D1/Bmt I, разработанный в ходе исследований).

В результате применения CAPS-маркера G-D-1 / Bmt I у линий ВИР 171 и ВИР 434 обнаружена миссенс-мутация в гене, контролирующем белок DELLA (локус *Rht1*, Ramos et al. (2013)). Ни у одной из изученных линий не выявлена ассоциация с карликовым генотипом крупная делеция в последовательности 7-го экзона гена *HaKAO1*, кодирующем синтез энткаурен оксидазы 1 (мутация *dw2*, Fambrini et al., 2015).

По результатам генотипирования, изученные линии распределились на диаграмме, полученной методом анализа главных координат РСоА, по пяти четко различимым группам. Это указывает на наличие в коллекции нескольких уникальных генетических пулов, и, вероятно, отражает их различное происхождение или селекционную историю (зеленым цветом отмечены карликовые линии, красным – высокорослые):

Группа 1 – ВИР 758, ВИР 762, ВИР 768, ВИР 772, ВИР 795, ВИР 815, ВИР 817, ВИР 840, ВИР 740, RIL 80, RIL 130;
 Группа 2 – ВИР 136, ВИР 171, ВИР 340А, ВИР 434А, ВИР 631, ВИР 648, ВИР 692, ВИР 786, ВИР 789, ВИР 826, ВИР 902, ВИР 210;
 Группа 3 – ВИР 819, ВИР 830, ВИР 832, ВИР 833, ВИР 839;
 Группа 4 – ВИР 665, ВК 571, ВИР 116В, ВИР 116А;
 Группа 5 – ВИР 319, ВИР 328.

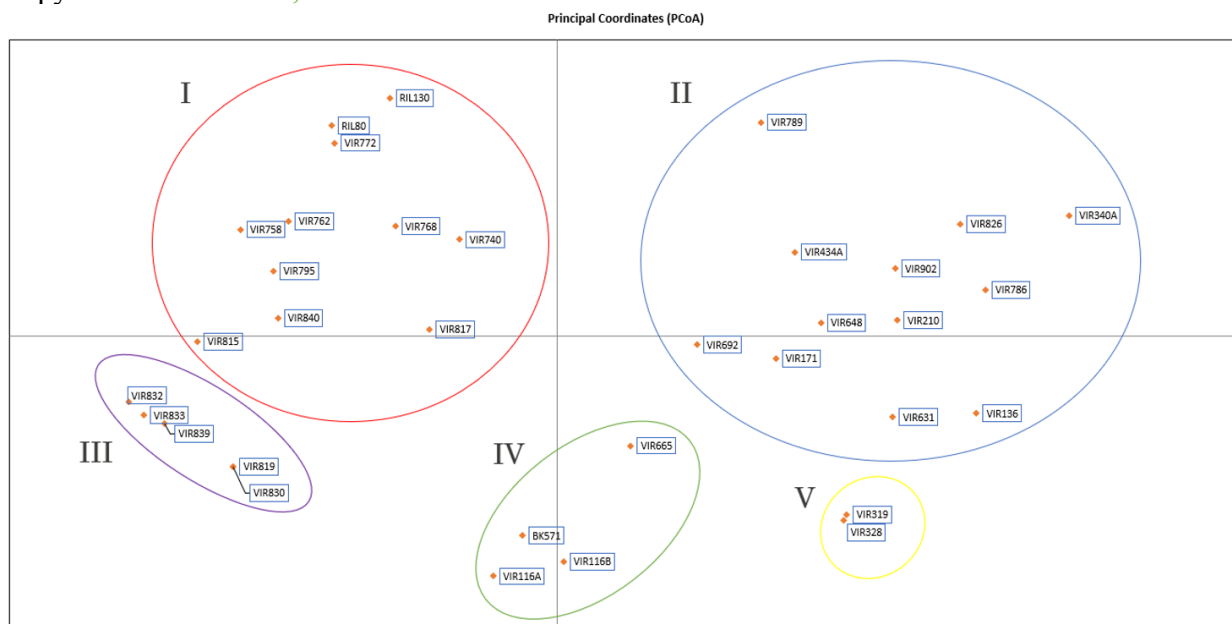


Рис. 2. Группировка 34 линий по результатам генотипирования в системе главных координат, полученная с использованием метода РСоА

Полученные данные свидетельствуют о том, что селекция, направленная на карликовость, сопряжена с непреднамеренным отбором определенных комбинаций аллелей. У 17 из 37 изученных карликовых линий с помощью молекулярных маркеров подтверждено наличие гена – восстановителя фертильности пыльцы *Rf1*. Полученные данные могут быть использованы для подбора родительских форм из различных групп при создании гибридов и экспериментах по получению новых форм подсолнечника декоративного направления.

Работа выполнена в рамках Государственного задания согласно тематическому плану ВИР по проекту № FGEM-2025-0008 «Разработка подходов ускоренной селекции для улучшения хозяйственно ценных признаков декоративных и ягодных культур».

МЕЖВИДОВАЯ ГИБРИДИЗАЦИЯ КАРТОФЕЛЯ С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ ИСТОЧНИКОВ УСТОЙЧИВОСТИ К ФИТОФТОРОЗУ

Н. М. Зотеева

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

INTERSPECIFIC HYBRIDIZATION OF POTATO USING SOURCES OF RESISTANCE TO LATE BLIGHT

N. M. Zoteyeva

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

Оомицет *Phytophthora infestans* (Mont.) de Bary – возбудитель фитофтороза картофеля – считается наиболее значимым биотическим фактором ограничения производства картофеля во всем мире. В РФ он также был и остается важной проблемой вследствие климатических условий, благоприятных для развития болезни в большинстве районов выращивания картофеля. Для предотвращения потерь, вызываемых высокой долей сортов, восприимчивых к фитофторозу, необходимо расширение генетической базы программ селекции.

В начале 80-х гг. прошлого века нами получены межвидовые гибриды с использованием южноамериканских диких видов *Solanum berthaultii* Hawkes, *S. famatinae* Bitt. et Wittm. (= *S. spegazzinii* Bitt.), *S. vernei* Bitt. et Wittm. и двух форм *S. microdontum* Bitt. – *S. simplicifolium* и *S. gigantophyllum*, а также мексиканского *S. demissum* Lindl. с образцами культурных видов – *S. phureja* Juz. et Buk. и *S. tuberosum* subsp. *andigenum* (Juz. et Buk.). Hawkes, использованных в качестве «мостиков» для последующей успешной гибридизации с *S. tuberosum* L. (Зотеева, 1986).

В конце 1990-х гг. проведены скрещивания с различающихся по числу хромосом южноамериканскими и центральноамериканскими дикими видами картофеля: *S. berthaultii*, *S. kurtzianum* Bitt. et Wittm., *S. microdontum*, *S. ruiz-ceballosii* Card., *S. tarijense*, *S. neoantipoviczii* Buk., *S. papita* Rydb., *S. demissum* и *S. guerreroense* Corr. 6х, (2n = 72) между собой и с культурными видами *S. phureja* (2х, 2n = 24), *S. tuberosum* subsp. *andigenum* (4х = 48) и *S. tuberosum* (4х, 2n = 48). В программу скрещиваний включены образцы, проявившие устойчивость к фитофторозу листьев и/или клубней в предварительном изучении (Зотеева и др., 2004).

При скрещивании обоих родителей с диплоидным набором хромосом семена получены в комбинациях с участием южноамериканских видов *S. berthaultii*, *S. kurtzianum*, *S. ruiz-ceballosii* и *S. tarijense*. Получен гибрид высоко устойчивого к фитофторозу образца *S. microdontum* с *S. tarijense*. Результативные скрещивания *S. microdontum* × *S. tarijense* были осуществлены с *S. kurtzianum* и *S. berthaultii*, использованными в качестве опылителей. Эти же опылители были эффективны в скрещиваниях с образцом *S. ruiz-ceballosii*, в комбинации с которым получено наибольшее количество гибридных семян. Родительские формы *S. phureja* были представлены двумя образцами. С одним образцом семена были получены в комбинациях с *S. berthaultii*, *S. microdontum* × *S. tarijense* и *S. ruiz-ceballosii*; с использованием другого скрещивания не были результативными, либо получали только единичные семена. В скрещиваниях с *S. berthaultii* и *S. kurtzianum*, использовавшихся в качестве опылителей растений *S. tuberosum* и *S. tuberosum* subsp. *andigenum*, в большинстве случаев получали только единичные семена. Успешными были две комбинации скрещиваний с селекционными клонами культурного типа – *S. berthaultii*

с SW93-1015 неизвестного происхождения из Швеции и *S. kurtzianum* с клоном сложного оригинального межвидового гибрида с высокой устойчивостью ботвы, но слабой устойчивостью клубней к фитофторозу. У полученного гибрида сохранялась устойчивость ботвы и улучшилась устойчивость клубней (Зотеева, 2018). При гибридизации диплоидных южноамериканских видов с культурным *S. tuberosum* были также получены гибриды $[(S. microdontum \times S. tarijense) \times S. kurtzianum] \times$ Аврора и Аврора $\times S. ruiz-ceballozii$, где как в качестве материнского, так и отцовского родителя, использовали сорт Аврора.

В программу скрещиваний были привлечены образцы двух тетраплоидных мексиканских видов – *S. neoantipoviczii* (= *S. stoloniferum* Schltdl. & Bouche) и *S. papita*. В результате скрещиваний с *S. neoantipoviczii* получены семена в комбинациях скрещиваний с *S. berthaultii*, *S. kurtzianum*, *S. ruiz-ceballozii*, *S. microdontum* \times *S. tarijense*, *S. phureja* и *S. tuberosum*. Помимо комбинаций *S. neoantipoviczii* с *S. kurtzianum* и *S. berthaultii*, среднее число семян в 1 ягоде других гибридов превышало 50. Результативными были реципрокные скрещивания *S. neoantipoviczii* с *S. papita*. В дальнейшем было установлено, что гибриды на основе *S. neoantipoviczii* обладают фертильностью пыльцы, что не характерно для гибридов F₁ с *S. stoloniferum* (Зотеева и др., 2017).

В комбинациях скрещиваний с участием гексаплоидных мексиканских видов *S. demissum* и *S. guerreroense* с образцами *S. tuberosum* и *S. tuberosum* subsp. *andigenum* число полученных гибридных семян на одну ягоду сильно не различалось и колебалось в пределах от 40 до 50. Учитывая зависимость многих видов картофеля от продолжительности светового дня, оценили динамику формирования клубней в горшечной культуре на длинном дне. Успешно и в большом количестве формировали клубни растения большинства гибридов поколения F₁. Гибриды *S. microdontum* \times *S. tarijense* и $(S. microdontum \times S. tarijense) \times S. kurtzianum$ имели выровненные по размеру правильной формы клубни без антоциановой окраски, со светлой мякотью. Несмотря на использование культурных родительских компонент в скрещиваниях с *S. demissum*, *S. guerreroense* и *S. neoantipoviczii*, гибриды F₁ характеризовались очень мелким размером клубней. Небольшое число клубней неправильной формы отмечено у гибрида *S. ruiz-ceballozii* \times *S. phureja*. Беккроссы на *S. tuberosum* гибрида *S. guerreroense* \times *S. tuberosum* (сорт Superb) в короткое время приводили к значительному улучшению агрономических признаков клубней.

Сведения о возможности получения гибридов с образцами ряда видов в комбинациях с другими, в том числе культурными, могут в дальнейшем быть полезными для расширения генного пула культивируемых сортов, что может быть актуальным в случае непредвиденных запросов селекции.

ВОССТАНОВЛЕНИЕ ЗАБЫТЫХ СОРТОВ СЕМЕЙСТВА ПАСЛЕНОВЫХ В АРМЕНИИ

**Карине Сарикян¹, Гоар Киракосян¹, Марине Григорян¹, Гаяне Шабоян^{1,2}, Арус
Зурабян¹, Вардуи Варданян¹**

¹ Научный центр овощных и технических культур Министерства экономики Республики
Армения, Даракерт, Араратский марз, Армения

² Институт проблем гидропоники им. Г.С. Давтяна Национальной академии наук
Республики Армения, Ереван, Армения, e-mail: karinesarikyan@gmail.com

RESTORATION OF LOST VARIETIES OF THE SOLANACEAE FAMILY IN ARMENIA

**Karine Sarikyan¹, Gohar Kirakosyan¹, Marine Grigoryan¹, Gayane Shaboyan^{1,2}, Arus
Zurabyan¹, Varduhi Vardanyan¹**

¹ Scientific Centre of Vegetable and Industrial Crops of the Ministry of Economy of the Republic
of Armenia, Darakert, Ararat Marz, Armenia

² G.S. Davtyan Institute of Hydroponics Problems, National Academy of Sciences of the
Republic of Armenia, Yerevan, Armenia, e-mail: karinesarikyan@gmail.com

Баклажан, перец (сладкий и острый), томат широко распространены в Армении. В XIX–XX веках в Армении выращивалось множество сортов этих культур. Многие из них забыты и сняты с производства. Однако население страны с тоской вспоминает местные плоды томатов, перцев, баклажанов с лучшими органолептическими характеристиками и желает видеть их восстановленными для использования в кулинарии и переработке. Нашей задачей было собрать эти образцы и восстановить их путем испытаний в различных экологических условиях. В условиях изменения климата проведены исследования их биологических особенностей, фенологии, морфологических, агрономических и биохимических свойств. Были отобраны и использованы в скрещиваниях лучшие доноры. Применялись классические и современные методы селекции: педигри, индивидуальный отбор, SSD, поликросс, методы улучшения. В результате наших научных исследований проделана большая работа по восстановлению целого ряда забытых сортов, с их участием создан ряд генетических ресурсов, информация и характеристики которых актуальны для использования в селекционной работе с помощью новейших методов. Семена восстановленных сортов мы получили из генбанка ВИР. Мы размножили семена этих сортов. Восстановлены забытые сорта тоиата Лениакани 1, Аргаванди 45, Анаит 20, Новый Анаит 19, Ереван 14, Аракс 322, Раздани 221, Эчмиадзин 260, Масиси 202, Айкаккан Кангун 152, Арарат 15, Юбилейный 261, Наири 314, Арамус 465; Ереванская местная популяция баклажана и Армянский длинный; сладкий перец – Болгарский 79, Новочеркасский 35, острый перец – Армянский острый, Местный острый, Астраханский сорта (рисунок). В настоящее время в диаллельные скрещивания включен ряд забытых, а затем восстановленных сортов, с участием которых получены новые гибриды, которые нами изучаются. Так, в скрещивания томата включены Новый Анаит 19, Ереван 14, Масиси 202, Айкаккан Кангун 152, восстановленные сорта баклажана – Ереванская местная, перца сладкого – Болгарский 79 и перца острого – Местный острый. Гибриды F₁–F₅ этих культур, прежде всего, отличаются высокой адаптивностью к условиям изменения климата, жаростойкостью, способностью хорошо расти, развиваться и плодоносить при высоких температурах (+38 °C и выше). Нами выявлены перспективные сорта и гибриды, а также ценный селекционный материал.





















				
Томат Ленинакани 1	Томат Аргаванди 45	Томат Анаит 20	Томат Новый Анаит 19	Томат Ереван 14
				
Томат Аракс 322	Томат Раздани 221	Томат Эчмиадзин 260	Томат Масиси 202	Томат Айкакан Кангун 152
				
Томат Арарат 15	Томат Юбилейный 261	Томат Арамус 465	Томат Наири 314	Сл. перец Болгарский 79
				
Баклажан Армянский длинный	Баклажан Ереванская местная	острый перец Армянский острый	острый перец Местный острый	острый перец Астраханский

Рисунок. Некоторые восстановленные и улучшенные нами сорта овощных культур из семейства *Solanaceae*

ОЦЕНКА МЕСТНЫХ СОРТОВ НАЦИОНАЛЬНОЙ КОЛЛЕКЦИИ ПАСЛЕНОВЫХ ОВОЩНЫХ КУЛЬТУР АРМЕНИИ В УСЛОВИЯХ ИЗМЕНЕНИЯ КЛИМАТА

Карине Сарикян¹, Гоар Киракосян¹, Марине Григорян¹, Гаяне Шабоян^{1,2}, Вардуи Варданян¹

¹ Научный центр овощных и технических культур Министерства экономики Республики Армения, Даракерт, Араратский марз, Армения

² Институт проблем гидропоники им. Г.С. Давтяна Национальной академии наук Республики Армения, Ереван, Армения, e-mail: karinesarikyan@gmail.com

EVALUATION FOR LANDRACES IN THE NATIONAL SOLANACEAE VEGETABLE CROP COLLECTION OF ARMENIA UNDER CLIMATE CHANGE CONDITIONS

Karine Sarikyan¹, Gohar Kirakosyan¹, Marine Grigoryan¹, Gayane Shaboyan^{1,2}, Varduhi Vardanyan¹

¹ Scientific Centre of Vegetable and Industrial Crops of the Ministry of Economy of the Republic of Armenia, Darakert, Ararat Marz, Armenia

² G.S. Davtyan Institute of Hydroponics Problems, National Academy of Sciences of the Republic of Armenia, Yerevan, Armenia, e-mail: karinesarikyan@gmail.com

В настоящее время мы проводим научные исследования по сохранению богатого генофонда томата, сладкого и острого перца, баклажана, и их стародавних форм с целью повышения спроса на них в сельском хозяйстве. Осуществляется также документирование и оценка селекционной работы по выведению высокоустойчивых, высокоурожайных, высококачественных новых сортов и гибридов, их оценки и общих стандартов агрономической характеристики и методов селекции растений, включая применение передовых знаний новейших технологий генотипирования. Стародавние формы томата возделываются в нашей стране более 200–250 лет, сладкого и острого перца – более 100–200 лет, баклажана – более 350–400 лет. В связи с острой необходимостью сохранения местных стародавних сортов растений семейства *Solanaceae*, совершенствования их селекции и решения вопросов глобальной продовольственной безопасности, нами разработаны инновационные методы оценки предоставления научному сообществу и частному сектору передовых научных услуг в области генетических ресурсов растений. Реализация указанной инновационной работы позволит раскрыть и облегчить доступ к более широкому кругу генетического разнообразия местных сортов овощных культур. Местные стародавние сорта томата из Национальной коллекции пасленовых овощных культур Армении представлены следующими образцами: Арагакотни тегакан, Тавуши тегакан, Тегакан хошор, Тегакан шат хошор, Тегакан золавор, Тегакан вардагуйн, Тегакан рибкятип, Тегакан мец, Тегакан тапак, Хошор Кармир. Генетические ресурсы баклажана включают местные сорта: Еревани тегакан, Еревани бамбук, Апагайи тегакан, Айкаккан эркар, Айкаккан сев, Манкик тегакан, Тегакан манусакагуйн, Тегакан сев, Тегакан хоровац, Тегакан сатили, Тегакан хавиари, Тегакан пахацойи, Тегакан джермоци. Ресурсы сладкого перца включают местные сорта: Арени тегакан, Булгаракан, Салатайин, Пахацойи, Урцадзори тегакан, Варданацени тегакан, Тегакан кахцр. К генетическим ресурсам острого перца относятся местные сорта: Тегакан кцу, Тавуши тегакан, Кнчитанман, Каначавун, Шукаякан, Эчмиадзни тегакан, Мхчяни тегакан, Масиси тегакан, Малишкайи тегакан, Мецамори цикак, Масиси цикак, Цикак тегакан.

Местные стародавние сорта Национальной коллекции пасленовых овощных культур были всесторонне изучены в различных экологических условиях Армении в условиях продолжающегося изменения климата. Проведена фенотипическая оценка их биологических, морфологических, хозяйственно ценных свойств и характеристик. Эта оценка проводилась каждые 5 лет, а в течение последних 10 лет – ежегодно. Изучены

изменения их фенотипа в условиях изменения климата и сделаны необходимые выводы для использования этих образцов в селекции. Кроме того, нами проведено определение биологически активных соединений – сухих веществ, сахаров, витаминов С и группы В, антоцианов – в плодах образцов староместных сортов.

В настоящее время мы реализуем научный проект № 25RG-4B011, основными целями которого являются:

- установление единых стандартов сохранения, документирования и оценки гермоплазмы, ее оценки и агрономической характеристики;
- создание передовых знаний в области методов селекции растений, включая использование технологий генотипирования.

Этот инновационный проект выявляет и облегчает доступ к более широкому спектру генетического разнообразия староместных сортов *Solanaceae*. Проект реализуется с использованием следующих подходов:

- инновационные методы характеристики: применение геномных технологий и инструментов прогнозирования для разработки новых подходов к ускорению селекции растений;
- сохранение местных и староместных сортов *Solanaceae* и разработка стратегий сохранения этих генетических ресурсов;
- улучшение использования селекционерами и содействие использованию местных староместных сортов *Solanaceae* растений в селекционной отрасли;
- управление информацией, повышение доступности характеристик и данных о сохранении местных староместных сортов этих культур.

Ожидается повышение доступности знаний о местных и староместных сортах *Solanaceae* в нашей стране, более широкое использование генетических ресурсов в программах улучшения растений, укрепление сотрудничества в области сохранения и использования местных и староместных сортов, расширение возможностей улучшения пасленовых овощных культур для поддержки сельского хозяйства и продовольственной безопасности в Армении.

Исследование выполнено при поддержке Комитета по высшему образованию и науке Министерства образования, науки, культуры и спорта РА (научный проект № 25RG-4B011).

**ПРИМЕНЕНИЕ CAPS-МАРКЕРОВ ДЛЯ ИЗУЧЕНИЯ ПОЛИМОРФИЗМА
ПЛАСТИДНОЙ ДНК У ПРЕДСТАВИТЕЛЕЙ ПОДРОДА
Prunophora (Neck. ex Spach) Focke РОДА *Prunus* L.**

А. К. Макаов, О. Е. Радченко, К. Р. Криворучко, О. Ю. Антонова

Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов
растений имени Н.И. Вавилова (ВИР), Санкт-Петербург, Россия,
e-mail: a.makaov@vir.nw.ru

**APPLICATION OF CAPS MARKERS FOR STUDYING CHLOROPLAST DNA
POLYMORPHISM IN REPRESENTATIVES OF THE SUBGENUS
Prunophora (Neck. ex Spach) Focke OF THE GENUS *Prunus* L.**

A. K. Makaov, O. E. Radchenko, K. R. Krivoruchko, O. Yu. Antonova

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

Слива домашняя *Prunus domestica* L. ($2n = 6x = 48$), алыча *Prunus cerasifera* Ehrh. ($2n = 2x = 16$) и терн *Prunus spinosa* L. ($2n = 4x = 32$), согласно современным представлениям, относятся к секции *Prunus* подрода *Prunophora* рода *Prunus* (Еремин, 2008). На сегодняшний день существует четыре основных гипотезы происхождения сливы домашней. Согласно одной из них, *P. domestica* произошла путем гибридизации тетраплоидного терна *P. spinosa* и диплоидной алычи *P. cerasifera* (Crane, Lawrence, 1952). Эта гипотеза основана на появлении небольшого числа фертильных гибридов, морфологически сходных со сливой домашней, среди бесплодных форм в ходе экспериментов по прямой межвидовой гибридизации между *P. cerasifera* и *P. spinosa* (Rybin, 1936; Murawski, 1970). Другая распространенная в настоящее время гипотеза предполагает наличие различных косточковых культур среди предков сливы домашней. В частности, Г. В. Еремин (Eryomine, 1990) считает, что сначала образовался сескви-диплоид терна, а затем он скрещивался с алычой. Сам терн, по его мнению, появился в результате скрещивания *P. cerasifera* с вишней мелкоплодной *Prunus microcarpa* С.А. Мей (Eryomine, 1990). Однако участие *P. microcarpa* подвергли сомнению некоторые другие авторы. В частности, RFLP-анализ последовательностей рибосомального оперона показал, что рДНК у образца P3187 *P. microcarpa*, исследованного Reynders-Aloisi с соавторами (1994), была отличной от тех последовательностей, которые были найдены у терна. Также в работе М. N. Nas с соавторами (Nas et al., 2011) при проведении SSR-анализа образцы вишни мелкоплодной кластеризовались отдельно от образцов сливы домашней. Необходимо отметить, что существуют еще две гипотезы происхождения сливы домашней: *P. domestica* произошла исключительно от *P. cerasifera* и представляет собой автополиплоидный вариант этого вида (Zohary, Hopf, 2000), или же *P. domestica* является гексаплоидной формой *P. spinosa* и тернослива является переходной формой между ними (Hedrick, 1911). Последние две гипотезы были опровергнуты Zhebentyaeva с соавторами результатами SNP-анализа большой выборки сортов сливы домашней методами GBS (genotyping-by-sequencing) (Zhebentyaeva et al., 2019).

В настоящее время при изучении филогенетических взаимоотношений сливы домашней, алычи и терна широкое распространение получило исследование хлДНК при помощи ДНК-маркеров. В нашей работе на основе анализа последовательности хлДНК *P. cerasifera* var. *pissardii* (Carrière) L.H. Bailey (No. #MN418903, GenBank, 2025) была сконструирована 21 пара праймеров, а также задействованы три пары праймеров, применявшихся ранее для анализа хлДНК у других представителей семейства Розовые – образцов рода *Rubus* L. (Камнев и др., 2023). Апробацию праймеров и подбор рестриктаз проводили на небольшой выборке из 16 образцов, включающей в себя 7 образцов алычи

P. cerasifera, 4 сорта сливы домашней *P. domestica*, один сорт гибридного вида *Prunus* × *rossica* Egegin, два межвидовых гибрида с терном, а также две местные формы терна.

В результате удалось отобрать 10 пар комбинаций праймер-рестриктаза, детектирующих полиморфизм у секции *Euprunus* рода *Prunus*. При помощи разработанных CAPS-маркеров была проанализирована экспериментальная выборка, включающая 43 образца секции *Euprunus* рода *Prunus*: 19 сортов сливы домашней, 16 образцов терна, 7 сортов алычи и один гибрид сливы китайской *P. salicina* Lindl. В изученной выборке в разных локусах было выявлено от 2 до 9 вариантов рестрикционных профилей (рисунок). Максимальный, из обследованных, уровень полиморфизма был обнаружен в локусе *petN/psbM* (маркер RubPlast 9/Taq I). Совокупность всех рестрикционных профилей одного образца расценивалась как гаплотип его хлДНК. Всего в экспериментальной выборке из 43 образцов было выявлено 20 гаплотипов. Наибольшая вариабельность хлДНК обнаружена у алычи (0,71 гаплотипа на образец), а наименьшая – у сливы домашней (0,37 гаплотипа на образец). Гаплотипы образцов экспериментальной выборки были выявлены каждый у представителей одного вида из изученных, за исключением гаплотипа H1, который был обнаружен одновременно у сливы домашней и терна. Стоит отметить, что эти результаты могут ставить под сомнение выводы ряда авторов о том, что цитоплазма *P. domestica* получена от *P. cerasifera* (Reales et al., 2010; Horvath et al., 2011; Zhebentyayeva et al., 2019).

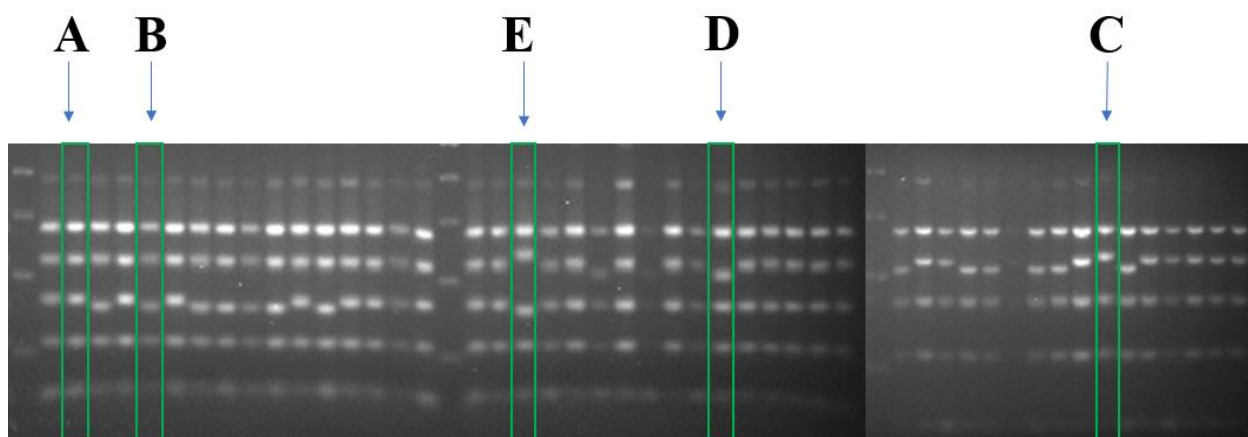


Рисунок. Пример рестрикционных профилей, полученных для молекулярного маркера PlumCP13/ BstMBI (локус *rpoB/trnC*) у образцов экспериментальной выборки

Необходимо отметить, что уровень полиморфизма хлДНК, детектируемого при помощи разработанного в данном исследовании набора праймеров, был ощутимо выше того, который обнаруживается при помощи маркеров на основе универсальных праймеров.

Таким образом, разработанные нами CAPS-маркеры хорошо справляются с обнаружением полиморфизма хлДНК у сливы домашней и близких видов, что дает возможность использовать их для скрининга коллекции косточковых культур ВИР и прояснения филогенетических взаимосвязей внутри рода *Prunophora*.

Работа выполнена в рамках Государственного задания согласно тематическому плану ВИР по проекту № FGEM-2022-0008 «Использование комплекса современных методов ДНК-генотипирования и молекулярного скрининга для изучения генетических ресурсов культурных растений, их диких родичей и форм собственной селекции».

ИЗУЧЕНИЕ АЛЛЕЛЬНОГО РАЗНООБРАЗИЯ S-ЛОКУСА У ОБРАЗЦОВ ГРУШИ ИЗ КОЛЛЕКЦИИ МАЙКОПСКОЙ ОПЫТНОЙ СТАНЦИИ – ФИЛИАЛА ВИР

А. О. Гончаренко, О. Ю. Антонова

Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова (ВИР), Санкт-Петербург, Россия,
e-mail: aogoncharenko97@gmail.com

STUDY OF ALLELIC DIVERSITY OF THE S-LOCUS IN PEAR ACCESSIONS FROM THE COLLECTION OF MAIKOP EXPERIMENT STATION – BRANCH OF VIR

A. O. Goncharenko, O. Yu. Antonova

N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources (VIR), St. Petersburg, Russia, e-mail: aogoncharenko97@gmail.com

Груша (*Pyrus* L.) входит в число ведущих плодовых культур с годовым производством в мире ~ 26,5 миллионов тонн (2023, FAOSTAT). В мире культивируют две основные группы груш – азиатские и европейские, которые, полагают, были одомашнены независимо.

На Майкопской опытной станции – филиале ВИР в настоящее время поддерживается большая коллекция (более 1000 образцов), в которой представлено не менее 30 видов рода *Pyrus* из основных центров произрастания. Значительный интерес вызывают староместные сорта (около 120 образцов) народной селекции Кавказа и Крыма.

Промышленное выращивание груши сталкивается с проблемой самостерильности большинства сортов. Идентификация S-аллелей у промышленных сортов и гибридных форм груши значительно облегчает процесс подбора опылителей, поэтому его изучению придается большое значение во всем мире (Claessen et al., 2019).

Целью нашей работы было изучение аллельного состава S-локуса у образцов груши из коллекции, поддерживаемой на Майкопской опытной станции – филиале ВИР.

Материалом для молекулярного скрининга послужили 216 образцов груши из коллекции Майкопской ОС ВИР, в том числе 212 сортов и 4 гибридные формы. Образцы выборки принадлежали к видам *Pyrus communis* L. и *P. caucasica* Fed. Дополнительно были изучены 12 образцов груши (*P. communis*, *P. caucasica*), собранных в рамках экспедиции ВИР по Северному Кавказу. Полный состав выборки составил 228 образцов, среди которых были выделены три основные анализируемые группы: европейские, местные кавказские и крымские сорта. Выделение ДНК проводили из листьев или из почек побегов. Применяли модифицированный метод СТАВ-экстракции (Антонова и др., 2020), при наличии полифенольных соединений растительные ткани предварительно обрабатывали в буфере на основе сорбитола (Inglis et al., 2018).

По литературным источникам были подобраны консенсусные (PysomC1 и PysomC5) и аллель-специфичные праймеры (Sanzol et al., 2006, Sanzol, Robbins, 2008). Специфичная ПЦР проведена для идентификации 26 аллелей (Sanzol et al., 2006, Sanzol, Robbins, 2008, Sanzol, 2009, Sanzol, 2010). Электрофоретическое разделение ампликонов проводили в 2-процентных горизонтальных агарозных гелях, окрашенных бромистым этидием, при напряжении 5 В/см длины геля в буфере 1xTBE. Для консенсусных праймеров длительность электрофореза составила 8–10 часов, в случае аллель-специфичных праймеров – 1,5–2 часа.

В ходе анализа выборки из 228 сортов и образцов груши при помощи консенсусных праймеров выявлено 13 ампликонов с различной электрофоретической подвижностью (рисунок). Поскольку из литературы известно, что праймеры PysomC1 и PysomC5 могут давать для разных аллелей одинаковый ПЦР-продукт (Sanzol, Robbins, 2008), для дальнейшей дифференциации аллелей проводили ПЦР со специфичными праймерами.

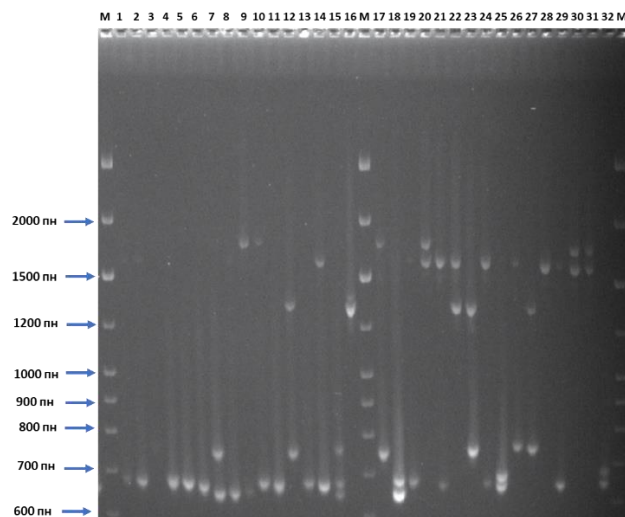


Рисунок. Полиморфные ПЦР-продукты, полученные при работе с консенсусными праймерами РусомС1/РусомС5

У изученных образцов выборки *S*-локус отличался довольно высоким уровнем полиморфизма – значение индекса *PIC* для всей выборки составило 0,932, а в подвыборках местных кавказских и крымских сортов – 0,929 и 0,893 соответственно.

Только семь (*S*₁₀₁, *S*₁₀₂, *S*₁₀₃, *S*₁₀₄₋₁, *S*₁₀₄₋₂, *S*₁₀₈, *S*₁₂₂) из выявленных 26 аллелей встречались в выборке с частотой более 10 %. Наиболее распространенным из них оказался аллель *S*₁₀₁ (у 26,75 % образцов), второй по частоте был аллель *S*₁₀₃ (20,61 %). Еще один аллель *S*₁₀₂ у сортов экспериментальной выборки присутствовал в 13,60 % случаев; интересно, что он не был выявлен ни у местных кавказских, ни у крымских сортов. Мы сопоставили представленность наиболее распространенных (≥ 10 %) аллелей в трех основных группах сортов (европейские, местные кавказские и крымские сорта). Было показано, что местные кавказские сорта достоверно отличаются от европейских по частоте пяти из семи таких аллелей: *S*₁₀₁ ($P = 0,0003$), *S*₁₀₃ ($P = 0,023$), *S*₁₀₄₋₁ ($P = 0,02$), *S*₁₀₄₋₂ ($P = 0,027$) и *S*₁₂₂ ($P = 0,0005$), и у них отсутствует аллель *S*₁₀₂. Значительный контраст наблюдали и при сопоставлении подвыборок европейских и крымских сортов – частота аллеля *S*₁₂₀ достоверно различалась ($P = 0,002$). Почти половина выявленных аллелей (14) относилась к редким, присутствующим менее чем у 5 % образцов, а новые фрагменты РусомС1/С5-1650 и РусомС1/С5-1200 оказались уникальными. По частоте редких аллелей три сравниваемые подгруппы также отличались друг от друга. Например, кавказские сорта народной селекции не имели аллелей *S*₁₁₀ и *S*₁₁₆, и наоборот, только в этой подгруппе присутствовали связанный с самофертильностью аллель *S*₁₂₁ и аллель *S*₁₀₉.

Работа выполнена в рамках Государственного задания согласно тематическому плану ВИАР по теме № 1021032424343-9-4.4.4 FGEM-2022-0008 «Использование комплекса современных методов ДНК-генотипирования и молекулярного скрининга для изучения генетических ресурсов культурных растений, их диких родичей и форм собственной селекции».

Алфавитный указатель авторов тезисов

- | | |
|------------------------------------|---------------------------|
| Абдуллаев Р. А. 18 | Кузнецова Е. Б. 43 |
| Алпатьева Н. В. 31, 43 | Лоскутов И. Г. 20 |
| Анисимова И. Н. 12, 18, 31, 40, 43 | Лукина К. А. 20 |
| Антонова О. Ю. 22, 52, 54 | Макаов А. К. 52 |
| Баранова О. А. 27 | Малашонок А. С. 31 |
| Варданян В. 48, 50 | Мироненко Н. В. 27 |
| Васипов В. В. 31 | Наваз М. А. 33 |
| Вишнякова М. А. 16, 35, 37 | Нигамадьянов А. Р. 22 |
| Воронова О. Н. 40 | Попихина М. М. 39 |
| Гаврилова В. А. 40, 43 | Поротников И. В. 22 |
| Голохваст К. С. 33 | Радченко Е. Е. 12, 18, 31 |
| Гончаренко А. О. 54 | Радченко О. Е. 52 |
| Григорян М. 48, 50 | Романова О. И. 31 |
| Егги Э. Э. 39 | Рязанова М. К. 31, 43 |
| Жуков В. А. 35 | Сарикян К. 48, 50 |
| Зеленева Ю. В. 29 | Семилет Т. В. 20 |
| Зорин Е. А. 35 | Сибикеев С. Н. 27 |
| Зотеева Н. М. 46 | Терёхин Н. М. 29 |
| Зуев Е. В. 22 | Тырышкин Л. Г. 25 |
| Зурабян А. 48 | Хлесткина Е. К. 11 |
| Киракосян Г. 48, 50 | Чунг Г. 33 |
| Ковалева О. Н. 20 | Шабоян Г. 48, 50 |
| Коваленко Н. М. 27 | Швачко Н. А. 20 |
| Колесникова Т. П. 29 | Шеленга Т. В. 20 |
| Криворучко К. Р. 52 | |

Alphabetical index of abstract authors

- | | |
|------------------------------------|------------------------------|
| Abdullaev R. A. 18 | Popikhina M. M. 39 |
| Alpatieva N. V. 31, 43 | Porotnikov I. V. 22 |
| Anisimova I. N. 12, 18, 31, 40, 43 | Radchenko E. E. 12, 18, 31 |
| Antonova O. Yu. 22, 52, 54 | Radchenko O. E. 52 |
| Baranova O. A. 27 | Romanova O. I. 31 |
| Chung G. 33 | Ryazanova M. K. 31, 43 |
| Eggi E. E. 39 | Sarikyan K. 48, 50 |
| Gavrilova V. A. 40, 43 | Semilet T. V. 20 |
| Golokhvast K. S. 33 | Shaboyan G. 48, 50 |
| Goncharenko A. O. 54 | Shelenga T. V. 20 |
| Grigoryan M. 48, 50 | Shvachko N. A. 20 |
| Khlestkina E. K. 11 | Sibikeev S. N. 27 |
| Kirakosyan G. 48, 50 | Teryoxin N. M. 29 |
| Kolesnikova T. P. 29 | Tyryshkin L. G. 25 |
| Kovalenko N. M. 27 | Vardanyan V. 48, 50 |
| Kovaleva O. N. 20 | Vasipov V. V. 31 |
| Krivoruchko K. R. 52 | Vishnyakova M. A. 16, 35, 37 |
| Kuznetsova E. B. 43 | Voronova O. N. 40 |
| Loskutov I. G. 20 | Zeleneva Yu. V. 29 |
| Lukina K. A. 20 | Zhukov V. A. 35 |
| Makaov A. K. 52 | Zorin E. A. 35 |
| Malashonok A. S. 31 | Zoteyeva N. M. 46 |
| Mironenko N. V. 27 | Zuev E. V. 22 |
| Nawaz M. A. 33 | Zurabyan A. 48 |
| Nigamadyanov A. R. 22 | |

научное текстовое электронное издание

**100 ЛЕТ
ПРИКЛАДНОЙ ГЕНЕТИКИ РАСТЕНИЙ**

тезисы докладов конференции,

г. Санкт-Петербург, 18–19 декабря 2025 г.

Под общей редакцией
д-ра биол. наук, чл.-корр. РАН **Елены Константиновны Хлесткиной**

ответственные редакторы:
д-р биол. наук **Евгений Евгеньевич Радченко**,
д-р биол. наук **Ирина Николаевна Анисимова**

Фото на обложке: Главный дом (бывш. дачи великого князя Бориса Владимировича; с 1922 г. территорию дачи занимает ВИР); справа налево (внизу): Сотрудники, аспиранты и стажеры отдела генетики ВИР. Детское Село, середина 1930-х гг.; Dr. R.A. McIntosh с сотрудниками отдела генетики. Пушкин, 1977 г.; Сотрудники отдела генетики. Пушкин, 2019 г. (Архив ВИР)

Авторы несут ответственность за содержание своей работы, точность цитат, легитимность использования иллюстраций, создание и (или) обновление карт, приведенных цифр, фактов, географических данных, названий, персональных данных и иной информации, а также за соблюдение законодательства Российской Федерации.

Подписано к использованию 30.12.2025 Объем издания 5,39 МБ Комплектация издания – 1 pdf файл

Научный редактор: *д-р биол. наук Е.А. Соколова*
Редактор: *И.В. Котелкина*
Переводчик *А.Г. Крылов*
Корректоры *Ю.С. Чепель-Малая*
Компьютерная верстка: *И.В. Котелкина*

Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова (ВИР)
Библиотечно-издательский отдел
190000, Санкт-Петербург, ул. Большая Морская, д. 42, 44

ISBN 978-5-907780-27-9



9 785907 780279 >