

ISSN: 2658-6266 (Print)

ISSN: 2658-6258 (Online)

# БИОТЕХНОЛОГИЯ И СЕЛЕКЦИЯ РАСТЕНИЙ

7(2), 2024



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



THE MINISTRY OF SCIENCE AND HIGHER  
EDUCATION OF THE RUSSIAN FEDERATION  
FEDERAL RESEARCH CENTER  
THE N.I. VAVILOV ALL-RUSSIAN INSTITUTE OF  
PLANT GENETIC RESOURCES (VIR)

НАУЧНЫЙ РЕЦЕНЗИРУЕМЫЙ ЖУРНАЛ

# БИОТЕХНОЛОГИЯ И СЕЛЕКЦИЯ РАСТЕНИЙ

2024, 7(2)

ОСНОВАН В 2018 ГОДУ  
ПЕРИОДИЧНОСТЬ 4 РАЗА В ГОД

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

e-mail: [pbi@vir.nw.ru](mailto:pbi@vir.nw.ru)

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

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

DOI: 10.30901/2658-6266-2024-2  
УДК: 573.6:631.527

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

#### На обложке:

**Фото.** Делегаты VIII Съезда Вавиловского общества генетиков и селекционеров после собрания в Большой физической аудитории Саратовского национального исследовательского государственного университета имени Н.Г. Чернышевского. 18 июня 2024 г. (фото Д. Ковшова, Управление медиакоммуникаций СГУ).

**Материалы к статье:** Тихонович И.А., Кочетов А.В., Хлесткина Е.К., Нижников А.А. Об итогах VIII съезда Вавиловского общества генетиков и селекционеров.

SCIENTIFIC PEER REVIEWED JOURNAL

# PLANT BIOTECHNOLOGY AND BREEDING

2024, 7(2)

FOUNDED IN 2018  
PUBLISHED 4 TIMES ANNUALLY

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

e-mail: [pbi@vir.nw.ru](mailto:pbi@vir.nw.ru)

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

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

#### Cover photo:

**Photo.** Delegates of the VIII Congress of the Vavilov Society of Geneticists and Breeders after the meeting in the Large Physics Lecture Hall of the Saratov National Research State University named after N.G. Chernyshevsky. June 18, 2024. (photo by D. Kovshov, Media Communications Department of Saratov State University).

**Materials for the article:** Tikhonovich I.A., Kochetov A.V., Khlestkina E.K., Nizhnikov A.A. On the results of the 8th congress of the Vavilov Society of Geneticists and Breeders.

## Биотехнология и селекция растений

2024 Том 7 № 2

DOI: 10.30901/2658-6266-2024-2  
<https://biosel.elpub.ru>

Научный рецензируемый журнал  
Издается с 2018 г.

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

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

Учредитель: Федеральное государственное бюджетное научное учреждение

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

### Главный редактор:

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

### Заместители главного редактора:

Т. А. Гавриленко – д.б.н. (Россия)

И. Н. Анисимова – д.б.н. (Россия)

Л. Ю. Новикова – д.с.-х.н. (Россия)

### Ответственный секретарь:

Н. А. Оськина

### Редакционный совет:

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

### Редакционная коллегия:

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

## Plant Biotechnology and Breeding

2024 Volume 7 No 2  
DOI: 10.30901/2658-6266-2024-2  
<https://biosel.elpub.ru>

Scientific Peer Reviewed Journal

Founded in 2018

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

### Editor-in-Chief:

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

### Deputy Editors-in-Chief:

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

### Executive Secretary:

N. A. Oskina

### Editorial council:

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

### Editorial board:

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

## СОДЕРЖАНИЕ

### ОТ ГЛАВНОГО РЕДАКТОРА 5

*Е. К. Хлесткина*  
ВСТУПИТЕЛЬНАЯ СТАТЬЯ

### РАЗВИТИЕ СОВРЕМЕННЫХ МЕТОДОВ СЕЛЕКЦИИ 6

*Кибкало И.А., Лоскутов И.Г., Войцуцкая Н.П.,  
Соловьева М.В., Обухова Н.С., Блинова Е.В.*

*Научная статья*

Разработка методических подходов  
к оценке технологических свойств зерна  
овса

*Крылова Е.А., Чунихина О.А., Бойко А.П.,  
Мирошниченко Е.В., Хлесткина Е.К.,  
Бурляева М.О.* 16

*Научная статья*

Изменчивость морфологических и  
фенологических признаков среди  
контрастных по типу роста образцов  
*Vigna unguiculata* (L.) Walp. в разных  
эколого-географических условиях

*Попов В.С., Шеленга Т.В., Блинова Е.В.,  
Хорева В.И.* 31

*Научная статья*

Применение БИК-спектроскопии для  
определения основных биохимических  
показателей качества у овса песчаного

*Солодухина О.В.* 42

*Обзорная статья*

Принципы селекции ржи с низким  
содержанием водорастворимых  
пентозанов в зерне

### ИЗУЧЕНИЕ ГЕНЕТИЧЕСКИХ РЕСУРСОВ РАСТЕНИЙ С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ МЕТОДОВ МОЛЕКУЛЯРНОЙ ГЕНЕТИКИ 53

*Беренсен Ф.А.*

*Научная статья*

Изучение генетического разнообразия  
образцов *Brassica rapa* L. коллекции ВИР  
на основе анализа полиморфизма ДНК  
в микросателлитных локусах

## CONTENTS

### FROM THE EDITOR IN CHIEF 5

*E. K. Khlestkina*  
INTRODUCTORY ARTICLE

### DEVELOPMENT OF MODERN BREEDING METHODS 6

*Kibkalo I.A., Loskutov I.G., Voitsutskaya N.P.,  
Solovyova M.V., Obukhova N.S., Blinova E.V.*

*Original article*

Development of methodological approaches  
to assessing the technological properties of  
oat grain

*Krylova E.A., Chunikhina O.A., Boyko A.P.,  
Miroshnichenko E.V., Khlestkina E.K.,  
Burlyayeva M.O.* 16

*Original article*

Variability of morphological and phenological  
traits in *Vigna unguiculata* (L.) Walp.  
accessions contrasting by growth type  
in different ecological and geographical  
conditions

*Popov V.S., Shelenga T.V., Blinova E.V.,  
Khoreva V.I.* 31

*Original article*

Application of NIR spectroscopy to determine  
the basic biochemical parameters of black oat  
grain quality

*Solodukhina O.V.* 42

*Review article*

Principles of rye breeding for low content of  
water-soluble pentosans in grain

### STUDY OF PLANT GENETIC RESOURCES USING MOLECULAR GENETICS METHODS 53

*Berensen F.A.*

*Original article*

A study of genetic diversity of  
*Brassica rapa* L. accessions from the VIR  
collection by analyzing DNA polymorphism  
in microsatellite loci

## СОДЕРЖАНИЕ

*Семилет Т.В., Швачко Н.А.,  
Ковалева О.Н., Шипилина Л.Ю.,  
Хлесткина Е.К.* **67**

### *Научная статья*

Полиморфизм ДНК в локусах, связанных с адаптацией ячменя к условиям окружающей среды, при сравнении выборок семян из археологических раскопов XII века с образцами из коллекции ВИР различного географического происхождения

### КРАТКИЕ СООБЩЕНИЯ **75**

*Нижников А.А., Бузовкина И.С.,  
Хлесткина Е.К., Тихонович И.А.*

### *Краткое сообщение*

К юбилею почетного президента Вавиловского общества генетиков и селекционеров академика Сергея Георгиевича Инге-Вечтомова

*Тихонович И.А., Кочетов А.В.,  
Хлесткина Е.К., Нижников А.А.* **83**

### *Краткое сообщение*

Об итогах VIII съезда Вавиловского общества генетиков и селекционеров

## CONTENTS

*Semilet T.V., Shvachko N.A., Kovaleva O.N.,  
Shipilina L.Y., Khlestkina E.K.* **67**

### *Original article*

DNA polymorphism in loci associated with the adaptation of barley to environmental conditions, when comparing seed samples from archaeological excavations of the 12th century with the VIR collection accessions of different geographical origin

### BRIEF COMMUNICATIONS **75**

*Nizhnikov A.A., Buzovkina I.S., Khlestkina E.K.,  
Tikhonovich I.A.*

### *Brief communication*

On the anniversary of the Honorary President of the Vavilov Society of Geneticists and Breeders, Academician Sergei Georgievich Inge-Vechtomov

*Tikhonovich I.A., Kochetov A.V.,  
Khlestkina E.K., Nizhnikov A.A.* **83**

### *Brief communication*

On the Results of the VIII Congress of the Vavilov Society of Geneticists and Breeders



*Уважаемые читатели!*

В текущем выпуске представлены итоги исследований, которые могут быть интересны для применения в селекционных программах, направленных на улучшение качества зерновых культур. Так, в публикуемой работе И.А. Кибкало с соавторами предложены новые системы оценки технологических свойств зерна овса и новая методика седиментационного анализа для крупяных культур. В работе В.С. Попова с соавторами описан экспресс-метод для предварительной оценки селекционного материала овса по биохимическим показателям. В статье О.В. Солодухиной обобщены принципы селекции низкопентозановой ржи. Особенность предложенных подходов во всех перечисленных работах – адаптированность для быстрого и недорогого анализа большого количества образцов, что важно в работе как с селекционным, так и с коллекционным материалом.

В публикации Е.А. Крыловой с соавторами представлены итоги исследования контрастных по типу роста образцов вигны в различных эколого-географических условиях. Результаты исследования представляют интерес для дальнейшего создания новых сортов этой культуры, устойчивых к повышенной влажности воздуха и пригодных к механизированной уборке. Это открывает потенциал для более широкого возделывания вигны на Дальнем Востоке. Применение методов анализа полиморфизма ДНК позволяет в применении к той или иной культуре уточнять степень генетического сходства образцов различного происхождения. В применении к культурным растениям чаще всего для этой цели используют микросателлитный анализ. Как например,

в представленной работе Ф.А. Беренсена, направленной на изучение генетической структуры стержневой коллекции репы. Вместе с тем, при помощи микросателлитных маркеров затруднен анализ образцов семян, найденных при проведении археологических экспедиций, что обусловлено деградацией так называемой древней ДНК. В этом случае анализ полиморфизма осуществляют путем секвенирования отдельных участков деградировавшей ДНК, что позволяет выявлять SNP (single nucleotide polymorphism – однонуклеотидный полиморфизм) и применять данные по ним для установления генетического сходства древних образцов с современными. Т.В. Семилет с соавторами исследовала SNP в локусах, связанных с адаптацией ячменя к условиям окружающей среды, сравнивая выборки семян из археологических раскопов XII века на территории Псковской области и образцы из коллекции ячменя ВИР различного географического происхождения. Результаты этой работы также представлены в настоящем выпуске.

Уважаемые читатели, состоялось знаменательное для генетиков и селекционеров нашей страны событие – с 14 по 19 июня 2024 года в Саратове проходил VIII съезд Вавиловского общества генетиков и селекционеров, посвященный 300-летию Российской науки и высшей школы. Участниками Съезда стали более 700 исследователей из России и дружественных зарубежных стран. Избран новый Президент ВОГиС на следующий 5-летний срок, им стал академик РАН А.В. Кочетов. Мы публикуем в текущем номере журнала статью о прошедшем съезде, обобщающую сведения как о самом мероприятии (с представлением его резолюции), так и о деятельности ВОГиС за последние 5 лет.

Дорогие друзья, редакция журнала поздравляет с юбилеем Почетного Президента Вавиловского общества генетиков и селекционеров, члена Академического совета ВИР, академика РАН С.Г. Инге-Вечтомова. В настоящем выпуске журнала представлена статья, посвященная научной и организационной деятельности юбиляра. Желаем Сергею Георгиевичу крепкого здоровья, долгих лет жизни, бодрости, сил, а его научной школе – процветания и успешного развития!

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

Научная статья  
УДК 633.13:631.52  
DOI: 10.30901/2658-6266-2024-2-02



## Разработка методических подходов к оценке технологических свойств зерна овса

И. А. Кибкало, И. Г. Лоскутов, Н. П. Войцукская, М. В. Соловьева, Н. С. Обухова, Е. В. Блинова

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

**Автор, ответственный за переписку:** Илья Анатольевич Кибкало, i.kibkalo@vir.nw.ru

Набор методов оценки качества зерна и его технологических свойств у крупяных культур, и в частности овса, крайне ограничен. Имеющиеся методы трудоёмки и не всегда достаточно информативны. Разнообразие современных способов переработки диктует поиск более универсальных и информативных методов оценки. В скоростных и мало затратных методах оценки качества зерна нуждается и селекция крупяных культур. Представленная работа является методической, где на ограниченном наборе контрастных по технологическим свойствам образцов овса разнообразного географического происхождения из генетической коллекции ВИР разрабатывается новая методика оценки качества зерна, опробуются новые способы анализа технологических свойств. Полученные критерии сравниваются между собой и с более традиционными показателями. Предложены новые системы оценки технологических свойств зерна голозёрного и пленчатого овса. Предложена новая методика седиментационного анализа для крупяных культур. Показано разнообразие белкового комплекса овса на примере результатов седиментационного анализа, а также углеводного комплекса – по результатам его оценки с помощью микро виско-амилографа. Показано разнообразие взаимодействия запасных веществ зерна овса с пшеничным материалом при совместной переработке с помощью оценки реологических свойств смесового теста на фаринографе. Полученные результаты могут быть рекомендованы для селекционной оценки, а также для получения полноценной информации о качестве зерна овса с целью дальнейшей переработки.

**Ключевые слова:** седиментация, белок, крахмал, качество зерна, переработка, натура, стекловидность, микро виско-амилограф, фаринограф

**Благодарности:** работа выполнена в рамках государственного задания Министерства науки и высшего образования РФ по теме FGEM-2022-0009 «Структурирование и раскрытие потенциала наследственной изменчивости мировой коллекции зерновых и крупяных культур ВИР для развития оптимизированного генбанка и рационального использования в селекции и растениеводстве».

**Для цитирования:** Кибкало И.А., Лоскутов И.Г., Войцукская Н.П., Соловьева М.В., Обухова Н.С., Блинова Е.В. Разработка методических подходов к оценке технологических свойств зерна овса. *Биотехнология и селекция растений*. 2024;7(2):6-15. DOI: 10.30901/2658-6266-2024-2-02

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

© Кибкало И.А., Лоскутов И.Г., Войцукская Н.П., Соловьева М.В., Обухова Н.С., Блинова Е.В., 2024

---

Original article

DOI: 10.30901/2658-6266-2024-2-02

## Development of methodological approaches to assessing the technological properties of oat grain

Iliya A. Kibkalo, Igor G. Loskutov, Nina P. Voitsutskaya, Maria V. Solovyova, Natalia S. Obukhova, Elena V. Blinova

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

**Corresponding author:** Iliya A. Kibkalo, i.kibkalo@vir.nw.ru

The range of methods for assessing the quality of grain and its technological properties in cereal crops, of oat in particular, is extremely limited. The available methods are labor-intensive and not always sufficiently informative. The variety of modern processing methods dictates the necessity in searching for more universal and informative assessment methods. Cereal crop breeding also requires high-speed and low-cost methods for assessing grain quality. The present work is a methodological study that uses a limited set of oat accessions from the genetic collection of VIR, differing in geographical origin and contrasting technological properties, in order to develop a new grain quality assessment, new ways of analyzing technological properties are being tested. The resulting criteria are compared with each other and with more traditional indicators. New systems for assessing the technological properties of grain of naked and covered oat have been proposed. A new method of sedimentation analysis for cereal crops is proposed. The diversity of the oat protein complex is exemplified in the results of sedimentation analysis, and of the carbohydrate complex – in the results of its testing by a micro-visco-amylograph. The variety of interactions between oat grain storage substances and wheat material during joint processing is shown by assessing the rheological properties of the dough mixture using a farinograph. The obtained results can be recommended for the assessment for breeding purposes, as well as for obtaining complete information about the quality of oat grain for the purpose of its further processing.

**Keywords:** sedimentation, protein, starch, grain quality, processing, test weight, vitreousness, micro-visco-amylograph, farinograph

---

**Acknowledgments:** the work was carried out within the framework of the State Assignment of the Ministry of Science and Higher Education of the Russian Federation, topic FGEM-2022-0009 “Structuring and unlocking the potential of hereditary variability in the VIR global collection of cereal and groat crops for the development of an optimized gene bank and rational use in breeding and crop production.”

**For citation:** Kibkalo I.A., Loskutov I.G., Voitsutskaya N.P., Solovyova M.V., Obukhova N.S., Blinova E.V. Development of methodological approaches to assessing the technological properties of oat grain. *Plant Biotechnology and Breeding*. 2024;7(2):6-15. (In Russ.). DOI: 10.30901/2658-6266-2024-2-02

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

---

© Kibkalo I.A., Loskutov I.G., Voitsutskaya N.P., Solovyova M.V., Obukhova N.S., Blinova E.V., 2024

## Введение

Качество зерна овса принято характеризовать биохимическими показателями: содержание протеина и крахмала, а также масла и  $\beta$ -глюканов (Abugalieva et al., 2021). При оценке пищевой или кормовой ценности традиционно обращают внимание на фракционный и аминокислотный состав белка и соотношение амилозы и амилопектина в крахмале. Все эти данные непосредственно влияют на питательную ценность образцов овса, которая может значительно различаться в зависимости от разновидности и сорта (Loskutov, 2007). Отмечаются качественные различия в биохимическом составе запасных веществ голозёрной и пленчатой форм. Вместе с тем, несмотря на широчайшее применение зерна овса в различных отраслях и направлениях пищевой промышленности, возможности технологической оценки как селекционных, так и производственных образцов достаточно скромны. Биохимический анализ зерна продолжает оставаться дорогостоящим и трудозатратным, а его данные не всегда объясняют результирующие технологические свойства при его переработке. Для оценки технологических свойств предлагается способ оценки качества овсяных хлопьев по их развариваемости (GOST 26312.2-84, 2010), который, впрочем, характеризует не зерновое сырьё, а продукт его переработки – крупу. Однако различные модификации данного метода применяются для оценки качества зерна всех крупяных культур (Kulevatova et al., 2017). Вкупе с показателем натурной массы зерна они составляют практически весь список возможных инструментов технологической оценки зерна овса. При этом с развитием пищевой промышленности многократно увеличилось разнообразие способов переработки зерна. Очевидна потребность в достаточно простом универсальном способе, характеризующем технологические свойства зерна овса, дающем представление как переработчикам, так и селекционерам о потенциале испытываемых образцов.

Поскольку в основе практически любых способов переработки зерна лежит способность продуктов его размола к устойчивому набуханию, то в качестве способа экспресс-оценки технологического потенциала зерна может рассматриваться седиментация продуктов его размола. На пшеничном материале этот способ получил широкое распространение и признание (Korus et al., 2022). Однако потенциал метода и в применении к крупяным культурам также очевиден. Ранее нами была применена авторская модификация двухфазной SDS-седиментации на материале зернового сорго и кукурузы (Kibkalo, 2022). Первая фаза заключалась в набухании продуктов размола зерна в уксусной кислоте, вторая – в добавлении додецилсульфата натрия. Рассчитывалось также и соотношение величин объема седиментационного осадка второй и первой фазы. Была получена существенная дифференциация образцов по всем трём получаемым показателям. Причем, все три показателя не повторяли друг друга, а дополняли. Интерпретация полученных

результатов заключалась в следующем. Если рассматривать двухфазное ведение анализа как процесс с последовательным увеличением физико-химической нагрузки на частицы размола зерна, белковые макромолекулы или белково-углеводно-липидные комплексы, то образцы делились по прочности внутренних биохимических и биофизических связей испытываемых конгломератов. Одни образцы достигали максимума своего набухания (гидратации) в первой фазе испытания, и при увеличении физико-химической нагрузки во второй фазе испытывали деструкцию набухших частиц размола зерна через разрушение упомянутых внутренних связей. В результате наблюдалось резкое осаждение набухших частиц размола зерна со значительным уменьшением объема осадка. Прочности внутренних биохимических связей других образцов хватало для сохранения достигнутого объема набухания и при увеличении физико-химической нагрузки во второй фазе испытания. В результате объем седиментационного осадка существенно не изменялся. Третья категория образцов достигала максимума своего объема и раскрытия своего потенциала набухания только во второй фазе испытания. В результате наблюдалось значительное увеличение объема седиментационного осадка в завершающей фазе опыта. Таким образом, отношение объема седиментационного осадка во второй фазе испытания к объему осадка в первой фазе характеризовало образцы с точки зрения устойчивости биохимического комплекса запасных полимеров зерна к длительности и силе физико-химических нагрузок. Кроме этого, внутри каждой из описанных категорий образцов наблюдалась их существенная дифференциация по максимуму объема седиментационного осадка. Таким образом предполагается, что, накладывая на динамику изменения объема набухания при седиментационном анализе те или иные технологические циклы переработки зерна, можно подобрать образцы, наиболее отвечающие технологическим запросам к сырью конкретного способа переработки.

## Материалы и методы

В качестве экспериментального материала привлекали 18 образцов овса различных разновидностей и различного географического происхождения из коллекции генетических ресурсов растений ВИР. В связи с тем, что известны различия в биохимическом составе зерна голозёрной и пленчатой форм, в экспериментальном материале присутствовали обе формы. В опыте были использованы следующие голозёрные образцы: ‘Гаврош’ (к-15439, Кемеровская область) выращенный в двух регионах (Кубань и Санкт-Петербург), У-115/14 (к-15577, Ульяновская область), ‘Бекас’ (к-15615, Кировская область), ‘Lennon’ (к-15631, Великобритания), ‘Vazec’ (к-15641, Словакия), ‘Inovec’ (к-15644, Словакия), ‘Ba You 8’ (к-15664, Китай), ‘Hronec’ (к-15642, Словакия), ‘Beer’ (к-15645, Словакия). Нами были изучены следующие плёнчатых образцы: ‘Валдин’ (к-14574, Краснодарский край), ‘Spontanie 169’

(к-15593, Алжир), 'Ассоль' (к-15617, Краснодарский край), местный сорт (к-14449, Эфиопия), UFRGS 1 (к-15529, Бразилия), 'Erwin' (к-15636, Австрия), 'Привет' (к-14787, Московская область), местный сорт (к-3228, Тюменская область).

Для изучения влияния овсяного компонента на технологические свойства пшеничной муки при совместной переработке зерна овса и пшеницы была использована хлебопекарная пшеничная мука высшего сорта.

Для проведения методических изысканий на материале овса была выбрана модификация метода микро-седиментационного анализа, протестированная ранее на зерновом сорго и кукурузе (Kibkalo, 2022). Анализ проводили в градуированных пробирках или цилиндрах объемом около 20 мл, в которых один грамм размолотого зерна овса смешивали с 12 мл 2%-ного раствора уксусной кислоты, ёмкости закрывали пробками и интенсивно встряхивали в течение 7-10 секунд. Далее производили отстаивание полученной взвеси в течение 5 минут, после чего регистрировали объём осадка (Ф1). Далее во взвесь добавляли четыре мл 1,9% раствора SDS и переворачивали пробирки вверх дном при закрытых пробках 10 раз так, чтобы пузырь воздуха каждый раз поднимался вверх. После этого производили отстаивание взвеси ещё в течение пяти минут с последующей регистрацией объёма осадка (Ф2). Также рассчитывали отношение объёма осадка второй фазы испытания к объёму осадка первой фазы испытания (Ф2/Ф1).

Для регистрации технологических свойств зерна овса также применили микро-модификацию метода развариваемости, которая заключалась в следующем. Два грамма зерна овса помещали в стандартную вискозиметрическую пробирку, заливали 25 мл дистиллированной воды и помещали на водяную баню. Развариваемость контролировали по увеличению массы варёного зерна, для чего производили периодические контрольные взвешивания. Испытания проводили до устойчивой постоянной массы или до уменьшения массы варёного зерна. В последнем случае учитывали результаты предыдущего взвешивания. Кроме максимальной массы вареного зерна (Масса) и времени, потребовавшегося для достижения максимальной массы (Время), регистрировали объём варёного зерна (Объём), а также оценивали количество вещества, перешедшего в воду в процессе варки по мутности раствора. Для этого с помощью спектрофотометра В-1100 определяли коэффициент пропускания света и оптическую плотность раствора. Также оценивали развариваемость зерна по его массе в начальный период варки – после первых 25 минут испытания (Масса 25) и в завершающей стадии варки. Для характеристики развариваемости во второй части испытания, из значения мак-

симальной массы варёного зерна вычитали массу зерна после первых 25 минут варки (М-М25).

Известно, что качество крахмала зерна часто носит независимый характер по отношению к свойствам белкового комплекса. В связи с этим, для определения термодинамических свойств углеводного комплекса привлекли микро-виско-амилограф фирмы Brabender (Германия) с использованием протокола испытания MVAG-Starch. В процессе анализа регистрировали: время начала клейстеризации при нагреве мучной суспензии (Ам-1), вязкость начала клейстеризации (Ам-2), температуру начала клейстеризации (Ам-3), время максимальной вязкости в горячем состоянии (Ам-4), максимальную вязкость в горячем состоянии (Ам-5), температуру максимальной вязкости в горячем состоянии (Ам-6), время минимальной вязкости в горячем состоянии (Ам-7), минимальную вязкость в горячем состоянии (Ам-8), максимальную вязкость в охлажденном состоянии (Ам-9), а также рассчитывали падение вязкости при максимальной температуре (Ам-10), подъем вязкости при охлаждении (Ам-11), разницу между максимальной вязкостью в охлажденном и горячем состояниях (Ам-12).

Широко распространена совместная переработка зерна овса и пшеницы (Anisimova, Soltan, 2017). В связи с этим актуально изучение влияния овсяного компонента на технологические свойства пшеничной муки, которые определяют качество готовой продукции. Для определения степени такого влияния использовали фаринограф фирмы Brabender (Германия) с миксером на 10 граммов. К десяти граммам хлебопекарной пшеничной муки высшего сорта добавляли один грамм размолотого зерна овса. Регистрировали водопоглотительную способность муки (ВПС), время образования теста (ВОТ), стабильность теста, разжижение теста, валориметрическое число по стандартному протоколу испытаний.

Содержание протеина в зерне овса определяли на ИК-анализаторе IM 9500, (Pertin, Швеция). Консистенцию эндосперма зерна овса оценивали по показателям полной и общей стекловидности на диафаноскопе. Зерно пленчатых форм овса отшелушивали на лабораторном шелушителе «Мини» (Россия), размол зерна производили на лабораторной мельнице ЛМТ-1 фирмы Плаун (Россия). Натуру зерна определяли на микропурке (Vasilenko, Komarov, 1987).

## Результаты и обсуждение

Регистрируемые показатели технологических свойств зерна позволили в различной степени дифференцировать изучаемый материал (таблица).

**Таблица. Дифференцирующая способность показателей технологических свойств зерна овса**  
**Table. Differentiating ability of indicators of technological properties of oat grain**

Показатели/ Indicators	Пределы варьирования/ Limits of variation	Среднее значение в опыте/ Average for the experiment	Стандартная ошибка среднего Sx/ Standard error of average Sx	Коэффициент вариации V/ Coefficient of variation V
Натура, г/л/ Test weight, g/L	556-691	647,17	8,44	5,54
Стекловидность полная, %/ Full vitreousness, %	0-47	13,94	3,22	95,28
Стекловидность общая, %/ General vitreousness, %	21-70	44,72	3,15	29,84
Протеин, %/ Protein, %	6,5-11,5	8,82	0,31	14,66
<b>Седиментация/ Sedimentation</b>				
Ф1, мл/ F1, ml	59-106	80,44	3,03	15,98
Ф2, мл/ F2, ml	21-110	56,61	6,53	48,94
Ф2/Ф1/ F2/F1	0,28-1,25	0,68	0,07	42,99
<b>Микро виско-амилограф/ Micro-visco-amylograph</b>				
Ам-1, мин/ Am-1, min	4,9-7,68	6,45	0,19	11,75
Ам-2, ед. приб./ Am-2, instrument units	30-41	37,80	0,82	8,38
Ам-3, °С/ Am-3, °C	67,0-86,6	78,51	1,51	6,05
Ам-4, мин/ Am-4, min	8,27-10,98	8,68	0,05	2,49
Ам-5, ед. приб./ Am-5, instrument units	259-466	352,29	11,91	13,94
Ам-6, °С/ Am-6, °C	91,3-94,9	93,62	0,24	1,03
Ам-7, мин/ Am-7, instrument units	13,32-13,78	13,62	0,03	0,98
Ам-8, ед. приб./ Am-8, instrument units	241-317	271,94	5,10	7,73
Ам-9, ед. приб./ Am-9, instrument units	546-898	726,24	19,25	10,93
Ам-10, ед. приб./ Am-10, instrument units	12-149	82,06	7,93	39,86
Ам-11, ед. приб./ Am-11, instrument units	299-617	455,24	16,35	14,81
Ам-12, ед. приб./ Am-12, instrument units	287-483	374,87	11,71	12,09
<b>Фаринограф/ Farinograph</b>				
ВПС, %/ Water absorption, %	74-77	75,22	0,24	1,33
ВОТ, мин/ Dough formation time, min	6,47-9,13	8,14	0,16	8,34
Стабильность, мин/ Dough stability, min	1,57-2,97	2,56	0,11	18,31
Разжижение, ед приб./ Dough liquefaction, instrument units	117-162	129,17	3,52	11,5

Показатели/ Indicators	Пределы варьирования/ Limits of variation	Среднее значение в опыте/ Average for the experiment	Стандартная ошибка среднего Sx/ Standard error of average Sx	Коэффициент вариации V/ Coefficient of variation V
Число валориметра, ед. приб./ Valorimeter number, instrument units	60-71	67,18	0,76	4,69
Развариваемость зерна/ Cooking behavior of grain				
Масса 25, г/ Weight 25, g	4,35-8,07	5,46	0,25	19,67
Макс. масса, г/ Max. weight, g	5,34-8,61	6,69	0,20	12,94
М–М 25, г/ W–W 25, g	0,52-2,34	1,23	0,13	44,92
Время, мин/ Time, min	35-80	53,06	3,80	30,35
Объём, мл/ Volume, ml	7,5-11,0	8,97	0,23	11,06
Оптическая плотность/ Optical density	0,306-2,320	1,459	0,143	52,38
Коэффициент пропускания, %/ Light transmission coefficient, %	0,5-45,6	14,96	3,95	111,97

Примечание: расшифровка сокращённых названий показателей представлена в разделе «Материалы и методы»

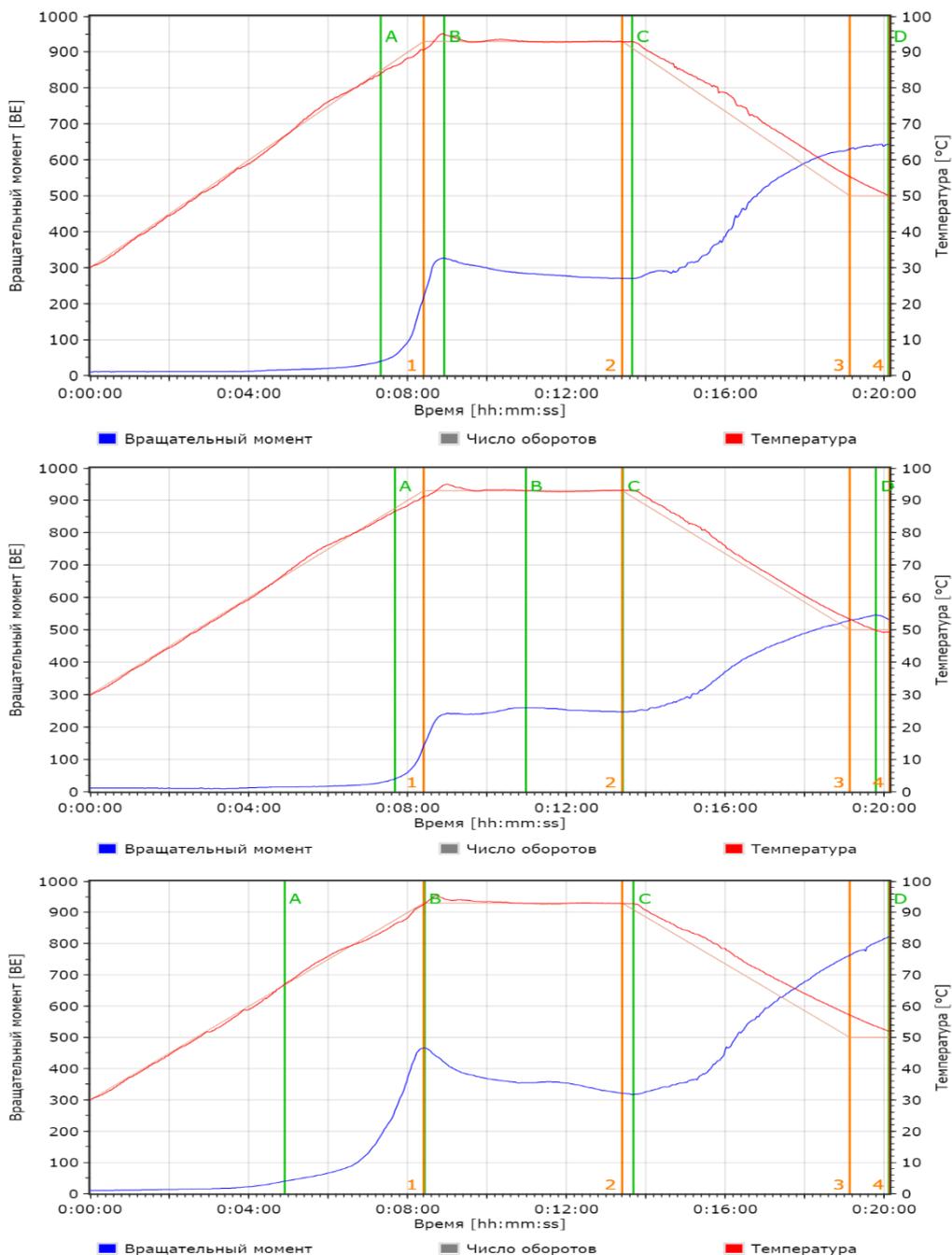
Судя по размерности коэффициента вариации (V), образцы овса не сильно различались по натуре зерна, по вязкости в начале клейстеризации при нагреве мучной суспензии, температуре начала клейстеризации, времени максимальной вязкости клейстера в горячем состоянии, температуре максимальной вязкости в горячем состоянии, времени минимальной вязкости в горячем состоянии, минимальной вязкости в горячем состоянии, водопоглотительной способности смесевой муки, времени образования теста, числу валориметра. На среднем уровне материал разграничивали данные по содержанию протеина, объёму осадка первой фазы седиментации, времени начала клейстеризации, максимальной вязкости клейстера в горячем состоянии, максимальной вязкости в холодном состоянии, подъёму вязкости при охлаждении, подъёму вязкости от максимума в горячем состоянии до максимума в холодном состоянии, по стабильности и разжижению смесевых тестов, по массе зерна после 25 минут варки, максимальной массе варёного зерна, максимальному объёму варёного зерна. В большой степени дифференцировали материал общая и полная стекловидность, величина объёма второй фазы седиментации и её отношение к объёму первой фазы седиментации, падение вязкости клейстера при максимальной температуре, прирост массы варёного зерна после 25 минут варки, время варки до максимальной массы зерна, оптическая плотность и коэффициент пропускания света через отвар.

Несмотря на то, что только часть показателей виско-амилографирования продемонстрировали высокую дифференцирующую способность (см. таблица), можно было наблюдать индивидуальные, различающиеся по типу, кривые виско-амилографирования изучаемых образцов (рисунок).

Подобные кривые могут быть полезными при запуске различных циклов переработки овса. По ним, например, можно определять густоту и термодинамическую устойчивость продуктов переработки овсяной муки при горячей обработке, а также свойства сырья как загустителя при охлаждении.

Умеренная дифференциация образцов по реологии смесевых тестов (см. таблица) объясняется ведущей ролью в этом испытании клейковинного комплекса пшеницы. Различия же, видимо, были связаны с большей или меньшей способностью запасных полимеров зерна овса интегрироваться в полимерный комплекс пшеничного теста. Различные показатели развариваемости зерна (Приложение/ Supplement)<sup>1</sup> в целом хорошо разграничивали материал (см. таблица). Однако в ходе анализа возник ряд вопросов к этому методу. Очевидно, что в целом пленчатые образцы сильнее и быстрее разваривались, чем голозёрные. Однако, скорее всего, это было обусловлено тем, что первые уже были подвергнуты механическому воздействию в ходе отшелушивания и, таким образом, они не были в равных условиях с голо-

<sup>1</sup> Приложения доступны в онлайн версии статьи/ Supplementary materials are available in the online version of the paper: DOI: 10.30901/2658-6266-2024-2-02



**Рис. Различные типы виско-амилограмм овса**

Примечание: сверху вниз: ‘Spontanie 169’ (к-15593, Алжир), местный сорт (к-14449, Эфиопия), UFRGS1 (к-15529, Бразилия)

**Fig. Various types of visco-amylograms of oats**

Note: from top to bottom: ‘Spontanie 169’ (k-15593, Algeria), local variety (k-14449, Ethiopia), UFRGS1 (k-15529, Brazil)

зерными. Также остается неочевидным вопрос зависимости развариваемости зерна от его размера. Кроме этого, у ряда образцов наблюдалось неравномерное разваривание зерна, что удлиняло время варки и увеличивало мутность отвара. Такая ситуация, при которой в одном образце находятся зерна с разной степенью развариваемости, снижает информативность метода с точки зрения пере-

работки зерна. Таким образом, для того, чтобы получить адекватную информацию о свойствах запасных полимеров зерна овса, очевидно необходим сравнительный анализ образцов, приведённых к стандартизированному состоянию. Такое состояние образца достигается только в случае использования зерна в размолотом виде. В этом смысле седиментационный анализ, а также виско-амило-

графирование, несомненно имеют преимущество. Данные двухфазной седиментации продемонстрировали разнообразную дифференциацию образцов по трём показателям и могут быть использованы для наиболее полного описания свойств продуктов размола зерна овса (см. таблица).

Для установления взаимосвязей различных технологических свойств был произведён корреляционный анализ экспериментальных данных (см. Приложение/ Supplement). Выяснилось, что в целом по выборке величины показателей двухфазной седиментации положительно сопряжены с содержанием белка: Ф1 (0,67\* – здесь и далее – коэффициент корреляции, значимость на 5%-ном уровне), Ф2 (0,78\*), Ф2/Ф1 (0,58\*). Интересным образом распределились взаимосвязи при раздельном анализе голозёрных и плёнчатых образцов овса. Так выяснилось, что в случае голозёрной формы содержание протеина влияло только на первую фазу седиментации Ф1 (0,77\*), тогда как в случае с плёнчатой – только на вторую фазу набухания Ф2 (0,79\*), хотя и сохранялась некоторая тенденция к взаимосвязи и у первой фазы Ф1 (0,59), но эта взаимосвязь не была доказана в силу сокращения объёма выборки. Известно, что обычно голозёрные образцы овса уступают плёнчатым по содержанию нерастворимых фракций белка. Исходя из логики проведения анализа, этот факт объясняет полученные результаты. На объём осадка первой фазы седиментации наибольшее влияние оказывают легко гидратируемые фракции белка, возможно совместно с углеводами, а на объём второй фазы – трудно гидратируемые (нерастворимые) фракции (глютелины). Отсюда возникает общий акцент на первую фазу у голозёрной формы и акцент на вторую у плёнчатой.

При этом надо отметить, что в целом использование данных седиментационного анализа отнюдь не ограничивалось разделением материала по плёнчатости. И у той, и у другой формы наблюдалась дифференциация материала как по первой, так и по второй фазе. Так пределы варьирования объёма осадка Ф1 у голозёрных образцов составили 59-85 мл, у плёнчатых – 60-106 мл; по Ф2 соответственно 21-70 мл и 25-110 мл. Необходимо отметить, что у плёнчатых образцов и данные стекловидности зерна оказались достоверно отрицательно связаны с величиной Ф1, ответственной за легко гидратируемые фракции продуктов размола зерна, а именно -0,77\* – для полной стекловидности и -0,74\* – для общей стекловидности. Таким образом очевидно, что на стекловидность зерна плёнчатых образцов овса отрицательно влияет содержание легко гидратируемых запасных полимеров.

Полученные данные имеют аналогию и с опытами на пшеничном материале, в которых было показано, что более мучнистый сорт-филлер ‘Альбидум 43’ превосходил по объёму осадка твердозёрный высокостекловидный сорт ‘Саратовская 55’ при проведении искусственной седиментации, однако картина менялась на прямо противоположную при SDS-седиментации (Kibkalo, 2022).

Такая интерпретация данных (см. Приложение/

Supplement) находит своё отражение и в опыте по развариванию зерна овса. В целом в опыте доказана невысокая взаимосвязь массы зерна после варки в течение 25 минут с Ф2 (0,48\*) и у Ф1 с максимальной массой варёного зерна (0,47\*), объёмом варёного зерна (0,69\*) и мутностью отвара по коэффициенту пропускания света (-0,47\*). Однако у голозёрной формы максимальных значений взаимосвязи достигали именно у Ф1: с максимальной массой (0,71\*), с объёмом варёного зерна (0,71\*), с коэффициентом пропускания света (-0,79\*), с увеличением массы зерна на заключительной стадии варки (0,69\*). Таким образом, у голозёрной формы доминирующее значение для свойств зерна имели легко гидратируемые запасные полимеры.

Изучение термодинамических свойств продуктов размола зерна овса методом виско-амилографирования, на которые наибольшим образом влияют свойства крахмала, а не белка, показало в основном независимый их характер от данных седиментационного анализа (см. Приложение/ Supplement). Однако на отдельные показатели, по-видимому, всё же влияли количественные и качественные свойства белков. Так в опыте в целом (см. Приложение/ Supplement) была доказана взаимосвязь устойчивости белкового комплекса к физико-химическим нагрузкам (Ф2/Ф1) со временем начала клейстеризации при нагреве суспензии муки (0,53\*) и температурой начала клейстеризации (0,48\*); вязкости клейстера в начальный момент клейстеризации с Ф2 (0,61\*) и Ф2/Ф1 (0,62\*). Такая тенденция сохранялась и отдельно у разных форм овса, достигнув максимальной выраженности у плёнчатых образцов, у которых была установлена взаимосвязь вязкости начала клейстеризации с Ф2 (0,81\*) и с Ф2/Ф1 (0,84\*). У голозёрных образцов была выявлена достоверная сопряженность температуры максимальной вязкости клейстера с Ф1 (0,69\*). Как мы видим, опять у плёнчатой формы наблюдается акцент, приходящийся на вторую фазу седиментации, а значит – на трудно гидратируемые фракции белка. Такие фракции проявляются в начальной фазе виско-амилографирования, видимо, по достижении температур, критичных для структурности белкового комплекса. У голозёрных образцов акцент приходится на первую фазу седиментации, а значит – на легко гидратируемые фракции, которые, вероятно, способны образовывать комплексы с углеводами и проявляться таким образом в термодинамике более продвинутых высокотемпературных стадий испытания.

Как уже отмечалось, испытания реологических свойств смесового пшенично-овсяного теста на фарнографе умеренно дифференцировали образцы овса (см. таблица). В опыте в целом была доказана умеренная взаимосвязь водопоглотительной способности смесовой муки с содержанием протеина (0,50\*). У голозёрной формы была выявлена отрицательная сопряженность отношения Ф2/Ф1 со стабильностью теста (-0,75\*) и положительная с разжижением теста (0,69\*), которое само по себе имеет отрицательную выраженность. Таким обра-

зом, вероятно, свойства образцов голозерного овса с наиболее устойчивым к физико-химическим воздействиям белковым комплексом отрицательно сказывались на реологических свойствах пшеничного теста. Испытания реологии теста проводили при умеренной температуре (30°C) и при физическом воздействии лопастей миксера. Однако, как мы выяснили ранее, для реализации потенциала белкового комплекса отдельных образцов требуются повышенные физико-химические нагрузки. Особенно это касается пленчатых образцов с преобладанием трудно гидратируемых фракций. Отсюда, вероятно, отсутствие взаимосвязи параметров набухания материала у этой формы овса с параметрами фаринографирования. Полимерные комплексы зерна пленчатого овса просто не успевали гидратироваться до такой степени, чтобы быть интегрированными в полимеры пшеничного теста. У голозерного же овса образцы с низкой устойчивостью к нагрузкам (по Ф2/Ф1) не обладали достаточной прочностью белкового комплекса для интегрирования в клейковинный каркас пшеницы. Более устойчивые к нагрузкам белки других голозерных образцов, благодаря присутствию легко гидратируемых фракций, видимо, наиболее успешно интегрировались в клейковинный комплекс. И собственно наличие отрицательного влияния на реологические свойства смесового теста и может быть доказательством этой интеграции. В более ранних работах нами (Kibkalo, Zhuk, 2020; 2021), было показано, что интеграция белков зерна кукурузы и зернового сорго в пшеничную клейковину может приводить к её ослаблению. Видимо подобный эффект наблюдался и в этом опыте.

## Выводы

Анализ полученных данных показывает, что для более полной характеристики технологических свойств зерна овса, дифференциации образцов овса по качеству зерна наиболее приемлема оценка овсяной муки с помощью двухфазного седиментационного метода и виско-амилографирования. Использование этих методов позволяет наиболее полно характеризовать технологические свойства основных запасных полимеров зерна. Для ускоренной и массовой экспресс-оценки селекционного материала подходит седиментационный анализ.

## References/Литература

- Abugalieva A.I., Loskutov I.G., Savin T.V., Chudinov V.A. Evaluation of naked oat accessions from the VIR collection for their qualitative characteristics in Kazakhstan. *Proceedings on Applied Botany, Genetics and Breeding*. 2021;182(1):9-21. [in Russian] (Абугалиева А.И., Лоскутов И.Г., Савин Т.В., Чудинов В.А. Изучение голозерного овса из коллекции ВИР на качественные показатели в условиях Казахстана. *Труды по прикладной ботанике, генетике и селекции*. 2021;182(1):9-21). DOI: 10.30901/2227-8834-2021-1-9-21
- Anisimova L.V., Soltan O.I.A. Rheological properties of dough were produced from mixture of wheat flour and whole oat flour. *Polzunovskiy vestnik*. 2017;3:9-13. [in Russian] (Анисимова Л.В., Солтан О.И.А. Реологические свойства теста из смеси пшеничной и цельнозерновой овсяной муки. *Ползуновский вестник*. 2017;3:9-13).
- GOST 26312.2-84. Groats. Methods for determination of organoleptic properties, cooking behaviour of buckwheat groats and oat-flakes: Interstate standard. Moscow: Standardinform; 2010. [in Russian] (ГОСТ 26312.2-84. Крупа. Методы определения органолептических показателей, развариваемости гречневой крупы и овсяных хлопьев: межгосударственный стандарт. Москва: Стандартинформ; 2010).
- Kibkalo I. Effectiveness of and perspectives for the sedimentation analysis method in grain quality evaluation in various cereal crops for breeding purposes. *Plants*. 2022;11:1640. DOI: 10.3390/plants11131640
- Kibkalo I.A., Zhuk E.A. Varietal differences of grain sorghum in the quality of spare grain polymers. *The Agrarian Scientific Journal*. 2020;11:11-15. [in Russian] (Кибкало И.А., Жук Е.А. Сортовые различия зернового сорго по качеству запасных полимеров зерна. *Аграрный научный журнал*. 2020;11:11-15). DOI: 10.28983/asj.y2020i11pp11-15
- Kibkalo I.A., Zhuk E.A. Differentiation of corn samples by the interaction of its spare polymers with protein and carbohydrate complexes of wheat. *The Agrarian Scientific Journal*. 2021;1:14-17. [in Russian] (Кибкало И.А., Жук Е.А. Дифференциация образцов кукурузы по взаимодействию ее запасных полимеров с белковым и углеводным комплексами пшеницы. *Аграрный научный журнал*. 2021;1:14-17). DOI: 10.28983/asj.y2021i1pp14-17
- Kopus M.M., Kravchenko N.S., Alty-Sadykh Yu.N., Ivanisov M.M., Samofalov A.P. Productivity and SDS-sedimentation of the promising winter bread wheat varieties depending on forecrops. *Grain Economy of Russia*. 2022;14(5):47-51. [in Russian] (Копусь М.М., Кравченко Н.С., Алты-Садых Ю.Н., Иванисов М.М., Самофалов А.П. Урожайность и SDS-седиментация перспективных сортов озимой мягкой пшеницы в зависимости от предшественников. *Зерновое хозяйство России*. 2022;14(5):47-51). DOI: 10.31367/2079-8725-2022-82-5-47-51
- Kulevatova T.B., Zlobina L.N., Kozhemyakin V.V. Determination of the coefficient of grain sorghum cooking behavior (Opredelenie koefitsienta razvarimosti zernovogo sorgo). In: V.F. Kazarin et al. (eds). *The role of modern selection and agricultural technology in measures to combat drought: Materials of the International Scientific and Practical Conference dedicated to the 140th anniversary of the birth of Academician of the All-Union Academy of Agricultural Sciences P.N. Konstantinov; 2017 July 11-13; Kinel, Samara region, Russia (Rol' sovremennoy selekcii i agrotekhniki v merah bor'by s zasuhoj: materialy Mezhdunarodnoj nauchno-prakticheskoy konferencii, posvyashchennoj 140 letiyu so dnya rozhdeniya akademika VASKHNIL P.N. Konstantinova; 11-13 iyulya 2017 g.; Kinel', Samarskaya oblast', Rossiya)*. Kazan; 2017. p.64-69. [in Russian] (Кулеватова Т.Б., Злобина Л.Н., Кожемякин В.В. Определение коэффициента разваримости зернового сорго. В кн.: *Роль современной селекции и агротехники в мерах борьбы с засухой: материалы Международной научно-практической конференции, посвященной 140-летию со дня рождения академика ВАСХНИЛ П.Н. Константинова; 11-13 июля 2017 г.; Кинель, Самарская обл., Россия* / под ред. В.Ф. Казарина [и др.]. Казань; 2017. С.64-69). URL: [https://elibrary.ru/download/elibrary\\_32437362\\_27584664.pdf](https://elibrary.ru/download/elibrary_32437362_27584664.pdf) [дата обращения: 13.04.2024].
- Loskutov I.G. Oat (*Avena L.*). Distribution, taxonomy, evolution and breeding value. St. Petersburg: VIR; 2007. [in Russian] (Лоскутов И.Г. Овес (*Avena L.*). Распространение, систематика, эволюция и селекционная ценность. Санкт-Петербург: ВИР; 2007). URL: [http://vir.nw.ru/avena/Loskutov\\_52.pdf](http://vir.nw.ru/avena/Loskutov_52.pdf) [дата обращения: 13.04.2024].
- Vasilenko I.I., Komarov V.I. Grain quality assessment. Handbook (Otsenka kachestva zerna. Spravochnik). Moscow: Agropromizdat; 1987. [in Russian] (Василенко И.И., Комаров В.И. Оценка качества зерна: Справочник. Москва: Агропромиздат; 1987).

---

### *Информация об авторах*

**Илья Анатольевич Кибкало**, кандидат сельскохозяйственных наук, старший научный сотрудник, Лаборатория комплексной оценки генетических ресурсов растений, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова (ВИР), 190000 Россия, Санкт-Петербург, ул. Большая Морская, 42, 44, i.kibkalo@vir.nw.ru, <https://orcid.org/0000-0002-8870-121X>

**Игорь Градиславович Лоскутов**, доктор биологических наук, главный научный сотрудник, заведующий, Отдел генетических ресурсов овса, ржи, ячменя, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова (ВИР), 190000 Россия, Санкт-Петербург, ул. Большая Морская, 42, 44, i.loskutov@vir.nw.ru, <https://orcid.org/0000-0002-9250-7225>

**Нина Петровна Войцукская**, научный сотрудник, Кубанская опытная станция – филиал ВИР, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова (ВИР), 352183 Россия, Краснодарский край, Гулькевичский район, п. Ботаника, voycuckaya63@mail.ru, <https://orcid.org/0009-0009-1155-2162>

**Мария Викторовна Соловьева**, младший научный сотрудник, Лаборатория постгеномных исследований, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова (ВИР), 190000 Россия, Санкт-Петербург, ул. Большая Морская, 42, 44, maria.soloveva.97@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0002-6904-4488>

**Наталья Сергеевна Обухова**, ведущий специалист, Лаборатория комплексной оценки генетических ресурсов растений ВИР, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова (ВИР), 190000 Россия, Санкт-Петербург, ул. Большая Морская, 42, 44, natali0925@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0002-1479-5997>

**Елена Владимировна Блинова**, кандидат сельскохозяйственных наук, старший научный сотрудник, Отдел генетических ресурсов овса, ржи, ячменя, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова, 190000 Россия, Санкт-Петербург, ул. Большая Морская, 42, 44, e.blinova@vir.nw.ru, <https://orcid.org/0000-0002-8898-4926>

### *Information about the authors*

**Илья А. Kibkalo**, Cand. Sci. (Agriculture), Senior Researcher, Laboratory of Plant Genetic Resources Complex Evaluation, N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources (VIR), 42, 44, Bolshaya Morskaya Street, St. Petersburg, 190000 Russia, i.kibkalo@vir.nw.ru, <https://orcid.org/0000-0002-8870-121X>

**Игорь Г. Loskutov**, Dr. Sci. (Biology), Chief Researcher, Department Head, Department of Oat, Rye and Barley Genetic Resources, N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources (VIR), 42, 44, Bolshaya Morskaya Street, St. Petersburg, 190000 Russia, i.loskutov@vir.nw.ru, <https://orcid.org/0000-0002-9250-7225>

**Нина Р. Voitsutskaya**, Researcher, Kuban Experiment Station – branch of VIR, N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources (VIR), Krasnodar Territory, Gulkevichsky District, Botanika village, 352183 Russia, voycuckaya63@mail.ru, <https://orcid.org/0009-0009-1155-2162>

**Мария В. Solovyova**, Junior Researcher, Laboratory of Postgenomic Studies, N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources (VIR), 42, 44, Bolshaya Morskaya Street, St. Petersburg, 190000 Russia, maria.soloveva.97@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0002-6904-4488>

**Наталья С. Obukhova**, Leading Specialist, Laboratory of Plant Genetic Resources Complex Evaluation, N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources (VIR), 42, 44, Bolshaya Morskaya Street, St. Petersburg, 190000 Russia, <https://orcid.org/0000-0002-1479-5997>

**Елена В. Blinova**, Cand. Sci. (Agriculture), Senior Researcher, Department of Oat, Rye and Barley Genetic Resources, N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources (VIR), 42, 44, Bolshaya Morskaya Street, St. Petersburg, 190000 Russia, e.blinova@vir.nw.ru, <https://orcid.org/0000-0002-8898-4926>

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

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

**Конфликт интересов:** авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

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

Статья поступила в редакцию 30.01.2024; одобрена после рецензирования 04.04.2024; принята к публикации 20.06.2024.  
The article was submitted on 30.01.2024; approved after reviewing on 04.04.2024; accepted for publication on 20.06.2024.

Научная статья

УДК 575.2:633.33

DOI: 10.30901/2658-6266-2024-2-07



## Изменчивость морфологических и фенологических признаков среди контрастных по типу роста образцов *Vigna unguiculata* (L.) Walp. в разных эколого-географических условиях

Е. А. Крылова, О. А. Чунихина, А. П. Бойко, Е. В. Мирошниченко, Е. К. Хлесткина, М. О. Бурляева

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

Автор, ответственный за переписку: Екатерина Александровна Крылова, e.krylova@vir.nw.ru

**Актуальность.** Вigna (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.) – относится к теплолюбивым культурам и по площади возделывания среди зернобобовых культур занимает третье место в мире. Овощные сорта вигны успешно возделывают в открытом грунте в южных областях, а также на юге Дальнего Востока России. Создание новых сортов, адаптированных к выращиванию в разных регионах, а также пригодных для широкого внедрения в промышленное производство, является крайне актуальным. **Материалы и методы.** Оценка изменчивости 20 морфологических и трёх фенологических признаков шести образцов вигны с разным типом роста и архитектоникой растения проводили в различных эколого-географических условиях на опытных станциях ВИР (Астраханская область, Приморский и Краснодарский края) в 2019-2022 годах. Варьирование и взаимосвязи признаков оценивали с помощью базовых и многомерных статистических методов. **Результаты.** В ходе анализа выявлено достоверное влияние комплекса факторов (генотип/образец, место репродукции) на изменчивость признаков. Наиболее сильно от места репродукции зависели фенологические признаки, длина междоузлий и листочков. Генотип в большей степени определял размах варьирования числа узлов, ветвей, цветоносов и бобов на растении, толщины стебля и размера боба. На диапазон изменчивости длины стебля значительно влияло место репродукции и генотип, причем генотип оказывал более сильное влияние. Реакция генотипов на изменение условий выращивания была различной. У большинства изученных образцов в условиях муссонного климата Приморского края отмечено увеличение длины главного стебля, у некоторых изменился тип роста (с детерминантного на индетерминантный). В нашем эксперименте длина растения положительно коррелировала с количеством осадков и со средними показателями относительной влажности воздуха. Только на сорт 'Лянчихе' избыточная влажность и осадки оказывали минимальное воздействие, растения сохраняли низкорослость и компактную архитектонику. Метод главных компонент выявил четыре фактора, отражающих основную часть дисперсии анализируемых признаков. В первом факторе объединились характеристики листа, во втором – архитектоники и времени развития растения, в третьем – проростка и ювенильной стадии, в четвертом – боба. Эти комплексы признаков (факторы) определяли изменчивость растений вигны в нашем опыте. **Заключение.** В результате нашего анализа изменчивости морфологических и фенологических признаков было выявлено, что при возделывании культуры при повышенной влажности и большом количестве осадков происходит значительное увеличение длины стебля, меняется архитектоника растения и, в некоторых случаях, даже тип роста. Дальнейшее изучение изменчивости изученных характеристик с привлечением других образцов и определение молекулярных механизмов, контролирующих стабильность типа роста и длины стебля, позволят перейти к более эффективному и быстрому созданию новых сортов пригодных к механизированному возделыванию. Это крайне важно для освоения новых ареалов возделывания видами, востребованность которых в качестве источника пищи и кормов возрастает в Российской Федерации.

**Ключевые слова:** признаки роста растений, вигна, корреляции, факторный анализ, влажность воздуха

**Благодарности:** Работа выполнена при поддержке Минобрнауки России в рамках соглашения № 075-15-2022-323 от 21.04.2022 г. о предоставлении гранта в форме субсидий из федерального бюджета на осуществление государственной поддержки создания и развития научного центра мирового уровня «Агротехнологии будущего». Авторы благодарят за техническую помощь при проведении работ Сельвян Л. (Адлерская опытная станция – филиал ВИР), Нестерову Т.А. (Астраханская опытная станция – филиал ВИР).

**Для цитирования:** Крылова Е.А., Чунихина О.А., Бойко А.П., Мирошниченко Е.В., Хлесткина Е.К., Бурляева М.О. Изменчивость морфологических и фенологических признаков среди контрастных по типу роста образцов *Vigna unguiculata* (L.) Walp. в разных эколого-географических условиях. *Биотехнология и селекция растений*. 2024;7(2):16-30. DOI: 10.30901/2658-6266-2024-2-07

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

© Крылова Е.А., Чунихина О.А., Бойко А.П., Мирошниченко Е.В., Хлесткина Е.К., Бурляева М.О., 2024

---

Original article

DOI: 10.30901/2658-6266-2024-2-o7

## Variability of morphological and phenological traits in *Vigna unguiculata* (L.) Walp. accessions contrasting by growth type in different ecological and geographical conditions

Ekaterina A. Krylova, Olga A. Chunikhina, Aleksander P. Boyko, Elena V. Miroshnichenko, Elena K. Khlestkina, Marina O. Burlyaeva

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

**Corresponding author:** Ekaterina A. Krylova, e.krylova@vir.nw.ru

**Background.** Cowpea (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.) is a thermophilic crop that occupies the third place in the world in terms of cultivation area among leguminous crops. Vegetable cowpea cultivars are successfully cultivated in the open ground in Russia, in its southern regions and the south of the Far East. The creation of new cultivars adapted to cultivation in different regions and suitable for widespread industrial production, is extremely relevant. **Materials and methods.** The variability of 20 morphological and three phenological traits of six cowpea accessions with different growth habit types and architectonics was assessed in various ecological and geographical conditions at VIR experiment stations (in Astrakhan Province, Primorye Territory and Krasnodar Territory) in 2019-2022. The variability and interrelationships of the traits were estimated using basic and multivariate statistical methods. **Results.** The analysis revealed a significant influence of the factor complex (genotype/accession, research location) on the variability of traits. Phenological traits, the length of internodes and leaflets depended most strongly on the research location. The range of variation in the number of nodes, branches, peduncles and pods per plant, stem thickness and pod size were determined by the genotype to a larger extent. The range of stem length variability was significantly influenced by the research location and the genotype, though the genotype had a stronger influence. The genotypes responded differently to changes in growing conditions. For most of the studied accessions, an increase in the main stem length was noted in the monsoon climate conditions of the Primorye Territory, for some of them the type of growth habit changed from determinant to indeterminate. In our research, the plant length was positively correlated with the amount of precipitation and with the average relative humidity. Excessive humidity and precipitation had minimal effect only on the cultivar 'Lyanchihe', whose plants retained dwarfness and compact architectonics. Factor analysis (principal factors analysis) revealed four factors responsible for the main part of the variance of the analyzed traits. The characteristics of the leaf were combined in the first factor, those of architectonics and time of plant development in the second, traits of the seedling and the juvenile stage in the third, and those of the pod in the fourth factor. These complexes of traits (factors) determined the variability of cowpea in our research. **Conclusion.** The performed analysis of morphological and phenological traits revealed a significant increase of stem length and changes in plant architectonics under conditions of high relative humidity and a large amount of precipitation. In some cases, even the type of growth habit was changed. The further research on the studied characters variability involving more accessions and the determination of molecular mechanisms that control stability of the growth habit type and length of the stem will allow us to proceed to a more efficient and rapid creation of new cultivars suitable for mechanized cultivation. This is extremely important for the development of new areas by cultivating species, the demand in which as a source of food and feed is increasing in the Russian Federation.

**Keywords:** plant growth habit, cowpea, correlations, factor analysis, air humidity

---

**Acknowledgments:** The work was carried out with the support of the Ministry of Education and Science of Russia under agreement No. 075-15-2022-323 dated 04/21/2022 on the provision of a grant in the form of subsidies from the federal budget for the implementation of state support for the creation and development of a world-class scientific center "Agrotechnologies of the Future". Authors thank Selvuan L. (Adler Experiment Station of VIR) and Nesterova T.A. (Astrakhan Experiment Station of VIR) for technical assistance.

**For citation:** Krylova E.A., Chunikhina O.A., Boyko A.P., Miroshnichenko E.V., Khlestkina E.K., Burlyaeva M.O. Variability of morphological and phenological traits in *Vigna unguiculata* (L.) Walp. accessions contrasting by growth type in different ecological and geographical conditions. *Plant Biotechnology and Breeding*. 2024;7(2):16-30. (In Russ.). DOI: 10.30901/2658-6266-2024-2-o7

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

---

© Krylova E.A., Chunikhina O.A., Boyko A.P., Miroshnichenko E.V., Khlestkina E.K., Burlyaeva M.O., 2024

## Введение

Вигна (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.) – культура из семейства Fabaceae Lindl., известна во многих странах как культура разностороннего использования (зерновая, кормовая, овощная). В большинстве регионов ее выращивают для пищевых целей на семена и зеленую лопатку. Кроме этого, некоторые растения развивают большую вегетативную массу, которая может использоваться на корм скоту.

Вигна – теплолюбивая, солеустойчивая и кислотоустойчивая культура, выдерживающая высокие температуры и засуху. В Российской Федерации вигна успешно возделывается в открытом грунте в различных климатических зонах: в субтропиках Кавказа, в резко континентальном климате в Прикаспийской низменности. Кроме этого, отмечены положительные результаты по апробации выращивания вигны на шпалерах в условиях муссонного климата на юге Приморья (Chebukin, Burlyaeva, 2016).

Различные абиотические факторы – температура, влажность, длина светового дня и другие – оказывают влияние на рост растений, при этом отмечается вариабельность морфологических признаков, в том числе и селекционно значимых, таких как продуктивность, тип роста стебля, длина растения (Vavilov, 1928; Huxley et al., 1976; Huxley, Summerfield, 1976; Summerfield et al., 1978; Inouye et al., 1979; Summerfield, Wien, 1980; Wien, Summerfield, 1980; Talbot, 1984; Dow El-Madina, Hall, 1986; Zhuchenko, 1988). Так с использованием обширного материала в серии географических опытов, основная идея которых была сформулирована академиком Н.И. Вавиловым, были установлены закономерности варьирования морфологических признаков в зависимости от эколого-географических условий. Сотрудниками института был проведен анализ диапазона изменчивости большого числа морфологических признаков в контрастных климатических условиях, была отмечена различная степень варьирования одних и тех же признаков у разных образцов в контрастных эколого-географических условиях. Разные абиотические факторы влияют на высоту растения, при этом Н.И. Вавилов отмечал, что данный признак варьирует в зависимости от количества осадков, выпавших за вегетационный период (Vavilov, 1928). О.К. Fortunatova, изучая изменчивость высоты растения в разных условиях произрастания, подтвердила вывод Н.И. Вавилова. В ее исследованиях высота растений уменьшалась в природных зонах с недостаточным увлажнением по сравнению с районами, где выпадает большое количество осадков (Fortunatova, 1928). В условиях переувлажнения высота растений увеличивалась, при этом реакция различных растений на изменение условий репродукции была разной.

Изучение диапазона изменчивости морфологических и фенологических признаков разных групп растений является по-прежнему актуальной задачей. Особое значение имеют исследования вариабельности призна-

ков в зависимости от погодных и климатических условий (Burlyaeva et al., 2014; 2015; 2021; Stoilova, Pereira, 2013; Gerrano et al., 2015; Gurkina, 2018; 2019).

К числу стрессовых абиотических факторов относится повышенная влажность воздуха (более 85%), влияние которой на рост и развитие растений изучено недостаточно. Известно, что растения в условиях высокой относительной влажности воздуха часто проявляют признаки быстрого увядания (Fanourakis et al., 2020). Длина стебля и междоузлий, площадь листовых пластинок, уровень транспирации варьируют в зависимости от насыщенности воздуха влагой, при этом реакция различных растений на повышенную влажность воздуха неодинакова (Mortensen, 2000; Chia, Lim, 2022). Некоторые декоративные культуры при избыточном увлажнении увеличивают сухой вес растения, в то время как в условиях засухи они формируют более компактную форму куста (Mortensen, 2000). У одного образца киноа через 14 дней в условиях повышенной влажности наблюдалось уменьшение высоты и площади листьев, в то время как у другого – значительных изменений этих показателей отмечено не было (Li et al., 2023).

Изменчивость морфологических признаков в различных эколого-географических условиях показана и для представителей семейства Бобовые. Как и у других культур, одним из сильно варьирующих признаков является длина растения. Так, в условиях муссонного климата длина стебля у образцов чечевицы увеличивалась более чем в четыре раза по сравнению с показателями этого же признака в засушливом климате (Luzina, 1962). Сходные тенденции отмечены и для гороха, стебель у ряда сортов которого в условиях избыточного увлажнения удлинялся более чем в два раза (Kondykov et al., 2006). В опыте с фасолью (*Phaseolus vulgaris* L.) не было обнаружено существенных различий в росте и урожайности растений в зависимости от показателей влажности воздуха (O'Leary, Knecht, 1971). Исследование размаха варьирования морфологических признаков у образцов вигны в контролируемых условиях показало различную реакцию генотипов на повышенную влажность воздуха (Krylova et al., 2022). У некоторых образцов отмечалось образование вьющегося побега и удлинение стебля в условиях избыточного увлажнения.

В настоящее время в фермерских хозяйствах востребованы сорта характеризующиеся кустовой формой растения и имеющие детерминантный (законченный) тип роста главного стебля. Вьющиеся растения с индетерминантным типом роста уступают сортам, которые благодаря своей архитектонике устойчивы к полеганию, а также пригодны к механизированному возделыванию. Это несомненно актуально в регионах с избыточным увлажнением, например, на юге Приморского края, на побережьях Черного и Каспийского морей. Для более эффективной оценки и последующего отбора исходного материала при создании сортов с перечисленными выше характеристиками необходима оценка степени влияния эколого-геогра-

фических условий на диапазон варьирования морфологических признаков, в том числе и хозяйственно ценных, таких как длина и тип роста стебля. В связи с этим целью настоящего исследования была оценка изменчивости морфологических и фенологических признаков образцов вигны с разным типом роста, в различных эколого-географических условиях.

## Материалы и методы

Для изучения было отобрано шесть образцов из коллекции вигны ВИР (к-6, к-639, к-640, к-642, к-1783, сорт 'Лянчихе' к-2056) *V. unguiculata* из группы сортов *sesquipedalis* и *unguiculata*. Староместные сорта (к-639, к-640, к-642) были собраны Н.И. Вавиловым во время экспедиции 1929 года по Китаю. Образцы из группы сортов *unguiculata* к-6 и к-1783 были получены по выписке в 1921 году из США и в 1985 году из Германии, соответственно. Современный сорт 'Лянчихе' (к-2056) был создан в России в Приморском крае в результате селекционных отборов из образцов китайского происхождения. Образцы к-639, к-640, к-642 и к-2056 (интродукционный номер и-632341) были включены в настоящее исследование на основании ранее выявленных для них отличий в контролируемых условиях контрастных по влажности воздуха (Krylova et al., 2022), образцы к-6 и к-1783 взяты дополнительно на основе предварительных наблюдений о сильно (к-6) и слабо (к-1783) выраженном проявлении индетерминантного типа роста.

В Астраханской области на Астраханской опытной станции (АОС) ВИР и на юге Приморского края на Дальневосточной опытной станции (ДВОС) ВИР проводили четырехлетнее изучение в 2019–2022 годах, а также в течение трех лет (2020–2022) в Краснодарском крае на Адлерской опытной станции (АдОС) ВИР.

Исследования образцов осуществляли в условиях открытого грунта согласно методическим указаниям по изучению коллекции зерновых бобовых культур (Vishnyakova et al., 2018) и Международному классификатору видов *Vigna Savi* (Burlayaeva et al., 2016). Посев проводили вручную во влажный прогретый слой почвы при среднесуточной температуре воздуха 14–16°C. Ширина между рядами составляла 70 см, расстояние между семенами в ряду – 10 см, глубина заделки семян – 3–5 см, длина опытных делянок – 4 м.

Для каждого образца в среднем оценивали по 7–10 растений по следующим фенологическим и морфологическим признакам: продолжительность фаз вегетационного периода, а именно по длительности периодов «посев-всходы», «посев-цветение», «посев-налив бобов»; длина растения; толщина главного стебля; число узлов на главном стебле; число ветвей первого порядка; длина первого междоузлия; длина второго междоузлия; длина примордиального листа; ширина примордиального листа; длина среднего листочка; ширина среднего листочка; длина рахиса среднего листочка; длина бокового листоч-

ка; ширина бокового листочка; длина рахиса бокового листочка; число цветоносов с бобами на растении; длина цветоноса; число бобов на растении; длина боба; толщина боба. Всего было проанализировано 442 растения.

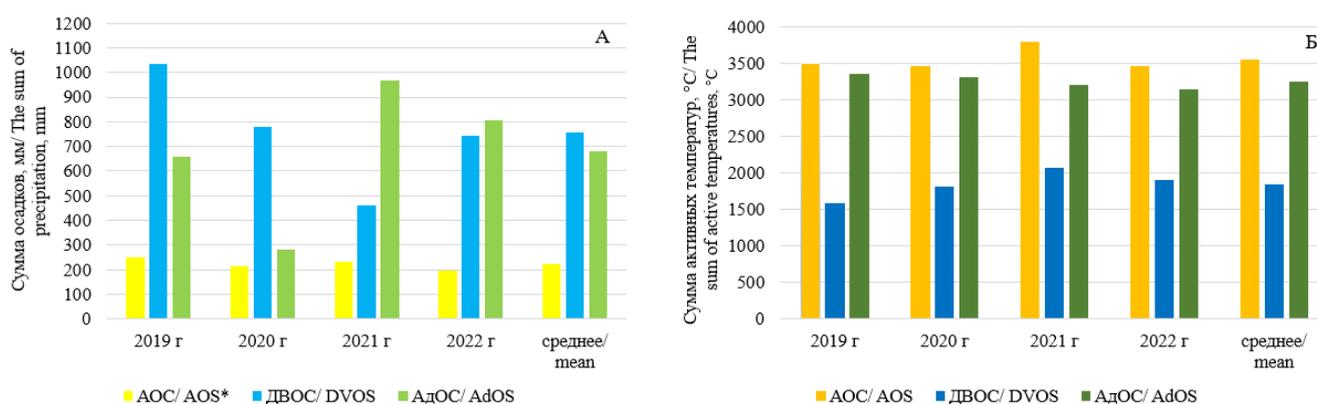
АОС расположена в Камызякском районе юго-восточной части Астраханской области в зоне Прикаспийской низменности. Климат этого региона резко континентальный, засушливый. Почвы на опытном участке аллювиально-луговые, тяжелосуглинистые, слабозасоленные с типом засоления хлоридно-сульфатным, слабозакисленные и с небольшим содержанием гумуса. Осадки выпадают редко, распределение которых в течение вегетационного периода, а также по годам было очень неравномерным. На АОС образцы культивировали в условиях орошения, всего за период вегетации проводили от 11 до 15 поливов со средним ежегодным расходом около 3000 литров воды.

ДВОС находится на юге Приморского края. Этот регион характеризуется муссонным климатом, дерново-подзолистой и слабомощной почвой, корнеобитаемый слой которой не превышает 60 см. В связи с повышенной влажностью воздуха, а также частыми и обильными осадками на ДВОС, образцы вигны культивировали на шпалерах.

АдОС расположена на Черноморском побережье Кавказа в Адлерском районе города Сочи Краснодарского края. Климат этого региона субтропический, на который оказывают значительное влияние близость моря и гор.

Погодные условия в годы проведения исследования менялись значительно. Метеорологические данные анализировали с использованием материалов сайта <http://www.pogodaiklimat.ru/> (Weather and climate..., 2024), а также архивных данных Всероссийского научно-исследовательского института гидрометеорологической информации – Мирового центра данных (ВНИИГМИ-МЦД) (Specialized datasets for climate research, 2024). За месяцы вегетационного периода анализировали данные о сумме активных температур выше 15°C, количестве осадков (рис. 1), а также показатели относительной влажности воздуха. Кроме этого, согласно методике государственного сортоиспытания сельскохозяйственных культур проводили расчет расхода воды, поступающей на делянки при капельном поливе на АОС (Methodology for state..., 2019).

Базовый статистический анализ (с использованием программы Statistica для Windows 7.0) проводили по каждому признаку для каждого из образцов: рассчитывали средние арифметические значения признаков, стандартные отклонения, коэффициент вариации, стандартную ошибку среднего при доверительном 95%-ном интервале. Для установления взаимной согласованности в изменчивости признаков был осуществлен корреляционный анализ (ранговые коэффициенты корреляции Спирмана – Spearman Rank Order Correlations). Значения коэффициента корреляции  $r \geq 0,70$  считали высокими, значения  $r$  в диапазоне от 0,50 до 0,70 – средними, значения  $r \leq 0,50$  – низкими (Shmidt, 1984). Учитывали коэффи-



**Рис. 1. Сумма осадков (А) и сумма активных температур (Б), наблюдаемых в течение вегетационного периода в годы изучения на АОС, ДВОС и АдОС**

**Fig. 1. The sum of precipitation (A) and the sum of active temperatures (B) at the experimental locations in 2019-2022**

\* – сумма осадков на АОС включает в себя дополнительный капельный полив/  
the sum of precipitation at the AOS includes additional drip irrigation

коэффициенты корреляции достоверно значимые на 5% уровне ( $p < 0,05$ ). Для проверки статистической значимости ассоциаций между местом репродукции, генотипом и изменчивостью изучаемых признаков проводили двухфакторный дисперсионный анализ, расчеты проводили по всему массиву данных, то есть по всем проанализированным растениям. Долю влияния фактора ( $\eta^2$  – intraclass correlation, выраженный в %) по Фишеру вычисляли по формуле:  $\eta^2 = \frac{SS_{\text{factor}}}{SS_{\text{total}}} \times 100\%$ , где:  $\eta^2$ , % – доля влияния фактора,  $SS_{\text{factor}}$  – факторная сумма квадратов отклонений,  $SS_{\text{total}}$  – общая сумма квадратов отклонений (Shmidt, 1984; Ivanter, Korosov, 2011). Апостериорную оценку достоверности различий образцов по изученным признакам проводили с помощью критерия Тьюки (Tukey honest significant difference, HSD).

Изучение изменчивости признаков и их взаимосвязей в разных условиях роста проводили посредством факторного анализа, а именно методом главных компонент/главных факторов, с использованием метода вращения (Varimax raw). Число факторов определяли с помощью критерия «каменистой осыпи» Р. Кеттелла.

## Результаты

В анализ были включены образцы с различной архитектурой растений – вьющиеся с индетерминантным типом роста главного стебля, а также растения с детерминантным типом роста (рис. 2). Средние показатели и диапазон варьирования изученных признаков образцов представлены в таблице 1. Длина стебля изменялась от 13 до 380 см, длина первого и второго междоузлия – от 1 до 5 см и от 0,8 до 5 см соответственно. Длина примордиаль-

ного листа колебалась от 2 до 7,5 см, а ширина – от 1 до 4,5 см. Листочки тройчатых листьев имели копьевидную форму, при этом длина среднего листочка варьировала от 3,5 до 15 см, ширина – от 2 до 10,5 см. Бобы отличались окраской: светло-зеленые у образцов к-639, к-640 и к-642, зеленые у к-6, вишнёвые у к-2056 и соломенные у образца к-1783 – длина их изменялась от 7 до 48 см, а ширина – от 0,4 до 1,5 см.

Нами отмечено, что место репродукции влияло на изменчивость фенологических и морфологических признаков образцов. Самый непродолжительный период от посева до всходов наблюдался на АОС, в среднем 7 суток. Самые протяженные межфазные периоды от посева до цветения и от посева до налива бобов были отмечены на ДВОС – 68 и 89 суток, соответственно. Наименьшее среднее значение по длине растения, 82 см, было зафиксировано для АОС.

Растения репродукции ДВОС, значительно отличались по этому признаку и характеризовались максимальными значениями длины растения, до 380 см, толщины стебля, до 2 см, имели наибольшее число узлов на главном стебле и ветвей первого порядка. У растений, выращенных на АдОС, отмечены длинные первое и второе междоузлия, а также наибольшее число бобов.

На изменчивость изученных признаков оказывал влияние и генотип образца. Растения к-6 развивали значительную зелёную массу и отличались индетерминантным типом роста стебля. Для экземпляров к-6 характерно наличие толстого стебля с большим числом узлов и ветвей первого порядка, широкого примордиального листа, а также средних листочков с длинными рахисами. Этот образец отличался самыми продолжительными межфаз-

ными периодами, характеризовался наименьшей продуктивностью: среднее число недлинных, широких бобов составило 7,7 на растение.

Для растений образца к-2056 напротив отмечены минимальные показатели длины растения (47,6 см), числа узлов (10) и ветвей первого порядка (2). Для к-1783 характерен недлинный стебель с короткими первым и вторым междоузлиями, некрупными примордиальными листьями. Для других трех образцов (к-639, к-640 и к-642) не отмечалось большого размаха изменчивости по изученным признакам.

Для выяснения достоверности влияния генотипа и места репродукции на изменчивость изучаемых признаков был проведен двухфакторный дисперсионный анализ (Приложение 1/ Supplement 1)<sup>1</sup>. Генотип в большей степени достоверно оказывал влияние на варьирование длины растения – доля влияния (д.в.) 30,8%, толщины стебля – д.в. 24,4%, числа узлов на главном стебле – 36,2%, числа ветвей первого порядка – 18,2%, числа цветоносов – 10,4% и бобов – 29,7%, д.в. на длину – 69,5% и ширину бобов – 46,2%. Место репродукции в большей степени оказывало влияние на изменчивость признаков продолжительности периодов от посева до цветения – д.в. 48,6%, от посева до налива бобов – 52,7%, а также на длину первого и второго междоузлий – д.в. 42,7% и 43,6%, соответственно. На продолжительность периода от посева до всходов достоверно влияло только место репродукции – 16,9%, а на варьирование признаков листьев – длина и ширина примордиального листа, длина и ширина среднего и бокового листочков, длина рахиса среднего листочка, длина черешка – влияли все изученные факторы. Анализ эффектов взаимодействия изученных факторов – генотипа и места репродукции – на изменчивость признаков показал достоверное совместное влияние на варьирование большинства изученных признаков. Исключением являются продолжительность периода от посева до цветения, длина рахиса среднего листочка, длина черешка и длина цветоноса.

Апостериорная оценка достоверности различий между образцами по изученным признакам, проведенная с помощью критерия Тьюки, показала следующие отличия. Образец к-6 достоверно отличался от других образцов по продолжительности межфазных периодов от посева до цветения ( $p=0,00$ ) и налива бобов ( $p<0,01$ ), по толщине главного стебля ( $p=0,00$ ), по числу узлов на главном стебле ( $p=0,00$ ), по числу ветвей первого порядка ( $p=0,00$ ), по ширине среднего листочка ( $p<0,04$ ), по длине черешка ( $p=0,00$ ), по длине цветоноса ( $p=0,00$ ), по длине боба ( $p<0,03$ ). Этот образец не был сходен с к-639, к-640, к-642 по длине второго междоузлия ( $p<0,03$ ). Различался с к-639 и к-1783 по длине ( $p<0,02$ ) и ширине примор-

диального листа ( $p=0,00$ ), а по длине растения ( $p=0,00$ ) с к-1783 и к-2056. Также к-6 отличался по критерию Тьюки от к-640 по длине среднего листочка ( $p=0,00$ ), по длине бокового листочка ( $p=0,00$ ), по числу цветоносов ( $p=0,02$ ).

Образец к-1783 подобно к-6 по многим признакам достоверно отличался от всех образцов: по длине первого междоузлия ( $p<0,02$ ), по ширине ( $p<0,01$ ) и длине боба ( $p=0,00$ ), по числу цветоносов ( $p=0,00$ ) и бобов ( $p=0,00$ ). Он не был сходен с образцами к-639, к-640, к-642, к-2056 по длине второго междоузлия ( $p<0,03$ ), по длине растения ( $p=0,00$ ), по длине бокового листочка ( $p=0,00$ ). По длине примордиального листа были выявлены различия между образцом к-1783 и к-6, к-639, к-640, к-642 ( $p=0,00$ ).

Сорт 'Лянчихе' к-2056 также достоверно отличался по многим признакам от других образцов, кроме вышеуказанных различий с к-6 и к-1783, он отличался: от всех образцов по числу узлов на растении ( $p=0,00$ ), по длине растения ( $p=0,00$ ) и по длине боба ( $p=0,00$ ); с к-639, к-640, от к-642 – по длине второго междоузлия ( $p<0,03$ ) и примордиального листа ( $p=0,00$ ); от к-640 – по толщине стебля ( $p=0,00$ ) и ширине среднего листочка ( $p<0,02$ ), от к-6, к-640, к-1783 – по ширине среднего листочка ( $p<0,01$ ). Таким образом, группа образцов к-6, к-1783 и к-2056 достоверно отличалась от других по многим признакам, при этом к-639, к-640 и к-642 были наиболее похожими, различимы по небольшому набору характеристик и достаточно четко дифференцированы от остальных образцов по многим признакам.

Корреляционный анализ, проведенный по показателям суммы активных температур, количеству осадков, относительной влажности воздуха, морфологическим и фенологическим признакам, выявил взаимосвязь между ними (Приложение 2/ Supplement 2). Продолжительность всех межфазных периодов – «посев-всходы», «посев-цветение», «посев-налив бобов» – коррелировала с количеством осадков ( $0,47 \leq r \leq 0,58$ ), со средними показателями относительной влажности воздуха ( $0,49 \leq r \leq 0,64$ ). Длительность периодов «посев-всходы» и «посев-цветение» связана сильной обратной корреляционной связью с суммой активных температур. Длина растения положительно коррелировала с количеством осадков ( $r=0,53$ ), со средними показателями относительной влажности воздуха ( $r=0,49$ ). Кроме этого, отмечена слабая отрицательная взаимосвязь с суммой активных температур ( $r=-0,44$ ). Для других морфологических признаков были выявлены слабые корреляционные связи с количеством осадков и показателем относительной влажности воздуха ( $r<0,5$ ). Только длина второго междоузлия была связана положительной корреляцией с суммой активных температур ( $r=0,57$ ).

<sup>1</sup> Приложения доступны в онлайн версии статьи/ Supplementary materials are available in the online version of the paper: DOI: 10.30901/2658-6266-2024-2-07

Образец/ Accession Место репродукции/ Research location	к-6/ k-6	к-639/ k-639	к-640/ k-640	к-642/ k-642	к-1783/ k-1783	к-2056/ ('Лянчиче')/ k-2056 ('Lyanchiche')
АОС/АОС 						
АлОС/АлОС 						
ДВОС/ДВОС 						

Рис. 2. Фото образцов в различных эколого-географических условиях, репродукция 2022 года  
 Fig. 2. Photos of accessions in various ecological and geographical conditions, reproduction in 2022

**Таблица 1. Изменчивость средних значений фенологических и морфологических признаков у образцов вигны (АОС, ДВОС, АдОС, 2019–2022 годы)**

**Table 1. Variability of the mean values of phenological and morphological traits in cowpea accessions (AOS, DVOS, AdOS, 2019-2022)**

Признак/ Trait	Число измерений/ Sample size	Среднее значение/ Mean	Минимальное значение/ Min	Максимальное значение/ Max	Стандартная ошибка от среднего/ Std. Err
Число дней от посева до всходов, сутки/ Number of days from sowing to emergence	442	7,94	3,00	14,00	0,15
Число дней от посева до цветения, сутки/ Number of days from sowing to flowering	442	57,14	38,00	87,00	0,53
Число дней от посева до налива бобов, сутки/ Number of days from sowing to maturity pods	442	72,31	44,00	112,00	0,78
Длина растения, см/ Stem length, cm	442	120,85	12,80	380,00	3,53
Толщина стебля, см/ Stem thickness, cm	442	0,77	0,40	2,00	0,01
Число узлов на главном стебле, штук/ Number of nodes on main stem	442	14,90	5,00	35,00	0,22
Число ветвей первого порядка, штук / Number of primary branches	438	2,44	1,00	7,00	0,05
Длина первого междоузлия, см/ Length of the first internode, cm	415	2,53	1,00	5,00	0,04
Длина второго междоузлия, см/ Length of the second internode, cm	415	2,86	0,80	5,00	0,05
Длина примордиального листа, см/ Length of primary leaf, cm	442	4,93	1,90	7,50	0,05
Ширина примордиального листа, см/ Width of primary leaf, cm	442	2,97	1,00	4,20	0,03
Длина среднего листочка, см/ Length of terminal leaf, cm	441	9,88	3,50	15,00	0,10
Ширина среднего листочка, см/ Width of terminal leaf, cm	436	5,76	2,00	10,50	0,06
Длина рахиса среднего листочка, см/ Length of the terminal leaf rachis, cm	441	2,92	0,80	5,00	0,03
Длина бокового листочка, см/ Length of lateral leaf, cm	436	9,10	4,00	14,00	0,08
Ширина бокового листочка, см/ Width of lateral leaf, cm	436	5,51	2,00	9,00	0,05
Длина черешка, см/ Petiole length, cm	441	10,04	3,00	20,50	0,13
Число цветоносов/ Number of peduncles	423	9,20	1,00	39,00	0,29
Длина цветоноса, см/ Length of peduncle, cm	415	21,24	6,50	57,00	0,34
Число бобов/ Pod number	437	14,00	1,00	90,00	0,56
Длина боба, см/ Pod length, cm	398	22,08	6,80	48,00	0,45
Ширина боба, см/ Pod width, cm	398	0,83	0,39	1,50	0,01

Корреляционный анализ, проведенный по усредненным данным выборок из разных мест репродукции показал, что длина растения имеет значительную зависимость от суммы осадков ( $r=0,86$ ) (рис. 3А). Кроме этого, длина растения положительно коррелировала с показателем относительной влажности воздуха ( $r=0,81$ ) (рис. 3Б). В условиях АОС при незначительной сумме осадков и низких показателях относительной влажности воздуха средняя длина растения не превышала 100 см. Структу-

ра взаимосвязей, отмеченная для растений репродукции АдОС, более сложная. В 2022 году на АдОС при сопоставимом количестве осадков с ДВОС, однако при более высоких температурах, растения имели среднюю длину. В условиях муссонного климата Дальнего Востока во все годы изучения растения отличались длинным стеблем. Исключением стал только 2021 год, который отличался аномально небольшим для этого региона количеством осадков (рис. 3А).

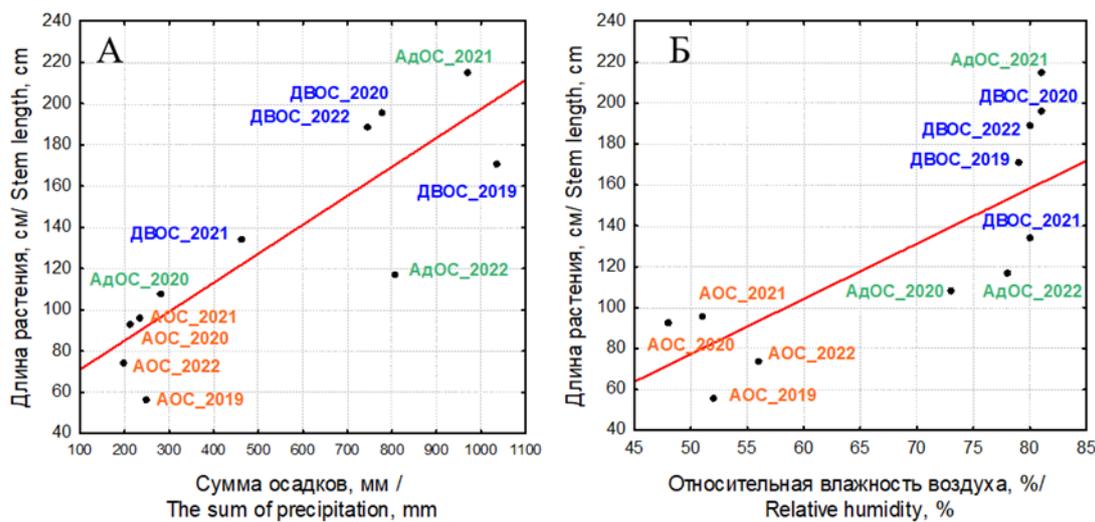


Рис. 3. Зависимость длины растения от суммы осадков (А) и относительной влажности воздуха (Б) (АОС, ДВОС и АдОС, 2019-2022 годы)

Fig. 3. Dependence of stem length on the sum of precipitation (А) and relative humidity (Б) (АОС, ДВОС and АдОС, 2019-2022)

Для выявления закономерностей изменчивости и структуры связей комплекса изученных признаков у образцов вигны был проведен факторный анализ (по методу главных компонент).

Компонентный анализ выявил четыре фактора, отражающих 60% дисперсии признаков (табл. 2, рис. 4). В первый фактор (F1 – 19% общей дисперсии) с положительной корреляцией объединились длина и ширина среднего и бокового листочков, длина черешка и рахиса среднего листочка. Этот фактор отражает формирование/развитие листа. Во второй фактор (F2 – 16% дисперсии) входили с положительной взаимосвязью длина и толщина стебля, число узлов и ветвей первого порядка, а также продолжительность периодов от посева до цветения, от посева до налива бобов. Его можно обозначить как фактор архитектуры/развития растения. В третий фактор (F3), объясняющий 14% общей дисперсии, с положительной взаимосвязью сгруппировались длина и ширина примордиального листа, длина второго междоузлия, а также с отрицательной корреляцией к ним длительность

периода от посева до налива бобов. Третий фактор можно интерпретировать как фактор развития проростка или растения на ранних стадиях онтогенеза. Четвертый фактор (F4 – 11% общей дисперсии) можно обозначить как фактор варьирования признаков боба, в нем объединились с положительной корреляцией показатели его длины и ширины.

Были выявлены следующие закономерности в варьировании признаков: для растений с длинным, ветвистым главным стеблем характерны продолжительные периоды от посева до цветения и от посева до налива бобов, а также короткий период от посева до всходов. У образцов с крупными средними листьями формировались листочки, рахис и черешок большого размера, чем у сортов с мелкими листочками. Образцам с крупными примордиальными листьями и длинным вторым междоузлем свойственно небольшое число цветоносов и бобов, короткие периоды от посева до цветения и от посева до налива бобов.

Рассматривая распределение изученных образцов

**Таблица 2. Факторная структура признаков у образцов вигны**  
(АОС, ДВОС и АдОС в 2019–2022 годы)

**Table 2. Factor loadings of traits in cowpea accessions**  
(AOS, DVOS, AdOS, 2019-2022)

Признак/ Trait	Фактор 1/ Factor 1	Фактор 2/ Factor 2	Фактор 3/ Factor 3	Фактор 4/ Factor 4
Число дней от посева до всходов, сутки/ Number of days from sowing to emergence	-0,15	-0,16	-0,38	0,26
Число дней от посева до цветения, сутки/ Number of days from sowing to flowering	-0,22	0,68	-0,48	0,15
Число дней от посева до налива бобов, сутки/ Number of days from sowing to maturity pods	-0,23	0,59	-0,56	0,26
Длина растения, см/ Stem length, cm	-0,10	0,78	0,06	0,24
Толщина стебля, см/ Stem thickness, cm	0,36	0,68	0,03	-0,14
Число узлов на главном стебле, штук/ Number of nodes on main stem	-0,03	0,83	0,15	-0,11
Число ветвей первого порядка, штук / Number of primary branches	0,26	0,64	-0,12	-0,13
Длина первого междоузлия, см/ Length of first internode, cm	-0,13	-0,14	0,16	0,45
Длина второго междоузлия, см/ Length of second internode, cm	0,22	-0,23	0,65	0,34
Длина примордиального листа, см/ Length of primary leaf, cm	0,06	-0,01	0,70	0,27
Ширина примордиального листа, см/ Width of primary leaf, cm	-0,05	0,11	0,87	-0,06
Длина среднего листочка, см/ Length of terminal leaf, cm	0,74	-0,20	-0,02	0,43
Ширина среднего листочка, см/ Width of terminal leaf, cm	0,84	0,12	-0,04	-0,16
Длина рахиса среднего листочка, см/ Length of the terminal leaf rachis, cm	0,59	0,30	0,30	0,07
Длина бокового листочка, см/ Length of lateral leaf, cm	0,76	-0,19	0,01	0,43
Ширина бокового листочка, см/ Width of lateral leaf, cm	0,89	0,06	0,04	-0,06
Длина черешка, см/ Petiole length, cm	0,67	-0,09	0,13	-0,04
Число цветоносов/ Number of peduncles	0,08	0,30	-0,40	-0,26
Длина цветоноса, см/ Length of peduncle, cm	0,46	0,02	0,21	-0,34
Число бобов/ Pod number	0,25	-0,02	-0,50	-0,25
Длина боба, см/ Pod length, cm	0,09	0,07	0,07	0,84
Ширина боба, см/ Pod width, cm	0,11	0,26	0,08	0,65
Дисперсия, %/ variance, %	19	16	14	11

в системе двух первых факторов, можно отметить тенденцию к группировке растений, выращенных на ДВОС, в области, характеризующейся более длинным стеблем с большим числом узлов и ветвей. Кроме этого, для многих растений были характерны некрупные листочки (рис. 4А). В то время как большинство растений на АОС и АдОС, как видно на графике, заняли область, характеризующуюся небольшой длиной стебля и междоузлий. Однако, следует отметить, что некоторые экземпляры, выращенные на АОС и АдОС, были близки по своим параметрам к растениям, сформировавшимся в условиях Приморского края.

При анализе распределения разных генотипов можно

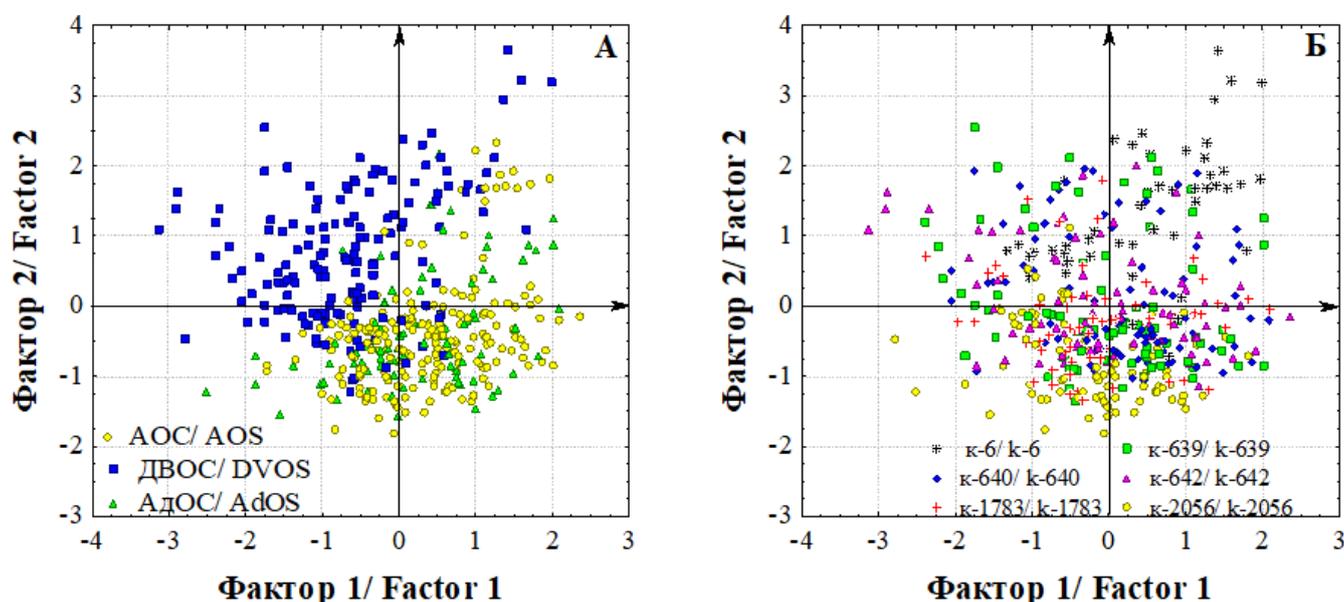
отметить, что растения сорта ‘Лянчихе’ (к-2056) отличались от других по второму фактору архитектоники/развития растения и заняли область на графике, для которой характерен недлинный стебель с небольшим числом узлов и ветвей (рис. 4Б).

Факторный анализ выявил изменчивость взаимосвязей между изученными признаками у образцов в различных условиях репродукции (рис. 5). Причем реакция разных образцов на условия выращивания была неодинаковой. Растения пяти образцов (за исключением к-6), выращенные в условиях Приморского края, образовывали отдельную группу по второму фактору архитектоники/развития растения, в то время как в другую группу объ-

единились экземпляры репродукции на АОС или АдОС. Растения этой группы невозможно было разделить на графиках, взяв за основу место их репродукции (АОС или АдОС).

У растений образцов к-639, к-640 и к-642 выявлено заметное изменение по признакам длины растения, толщины стебля, числа узлов и ветвей (F 2) при выращивании в условиях ДВОС. На графике наблюдается наличие двух групп (рис. 5). Экземпляры, сформировавшиеся в условиях АОС и АдОС, вошли в первую группу и заняли на графике центральную область, характеризующуюся средними размерами листочков, а также средней длиной

стебля. Растения, выращенные в условиях Приморского края, объединились во вторую группу и отличались от первой по фактору архитектуры/развития растений (F 2), то есть по признаку длины растения, толщины стебля, числа узлов и ветвей, а также продолжительности периодов от посева до цветения и от посева до налива бобов. Максимальная длина растения (350-380 см) среди всех изученных растений была отмечена именно для экземпляров этих трех образцов (к-639, к-640 и к-642) в условиях ДВОС. На АОС этот признак у данных образцов находился в пределах 70-110 см.



**Рис. 4. Распределение образцов в пространстве факторов (АОС, ДВОС и АдОС в 2019-2022 годах)**  
(А) – распределение образцов по месту репродукции, (Б) – распределение изученных генотипов. Factor 1 (F 1), Factor 2 (F 2) – два первых фактора

**Fig. 4. Scatterplot of cowpea accessions in the factorial space (AOS, DVOS, AdOS in 2019-2022)**  
(A) – scatterplot of accessions by research location, (Б) – scatterplot of accessions by genotype. Factor 1 (F 1), Factor 2 (F 2) – two first factors

Схожую тенденцию можно проследить и для к-1783. Растения репродукции ДВОС имели длинный стебель (до 260 см), при этом у некоторых растений, выращенных на АдОС, длина стебля достигала сходных показателей, а на АОС она колебалась от 47 до 80 см. У к-6 варьирования изменчивости по второму фактору не отмечено. Растения этого образца имели длинный и ветвистый стебель вне зависимости от места репродукции, в среднем он равнялся 150 см, на АОС он достигал 210 см, на ДВОС – 255 см.

Растения сорта ‘Лянчихе’ (к-2056) образовали достаточно компактную группу на графике и заняли центральную область, для которой характерны средние размеры листьев, а также средняя длина стебля (см. рис. 5). При этом по второму фактору растения этого образца заметно отличались от других. Как и в случае других образцов

(кроме к-6) отмечается наличие двух групп по второму фактору. Растения, выращенные в условиях Приморского края, характеризовались более длинным стеблем по сравнению со сформировавшимися в условиях АОС и АдОС. Некоторые растения на ДВОС оказались близки к растениям репродукции в Адлере и Астраханской области. Однако стоит подчеркнуть, что варьирование показателя этого признака у к-2056 не столь значительно по сравнению с образцами к-639, к-640 и к-642.

### Обсуждение

Известно, что условия произрастания влияют на изменчивость морфологических признаков растений. Для вигны было показано варьирование длины стебля рас-

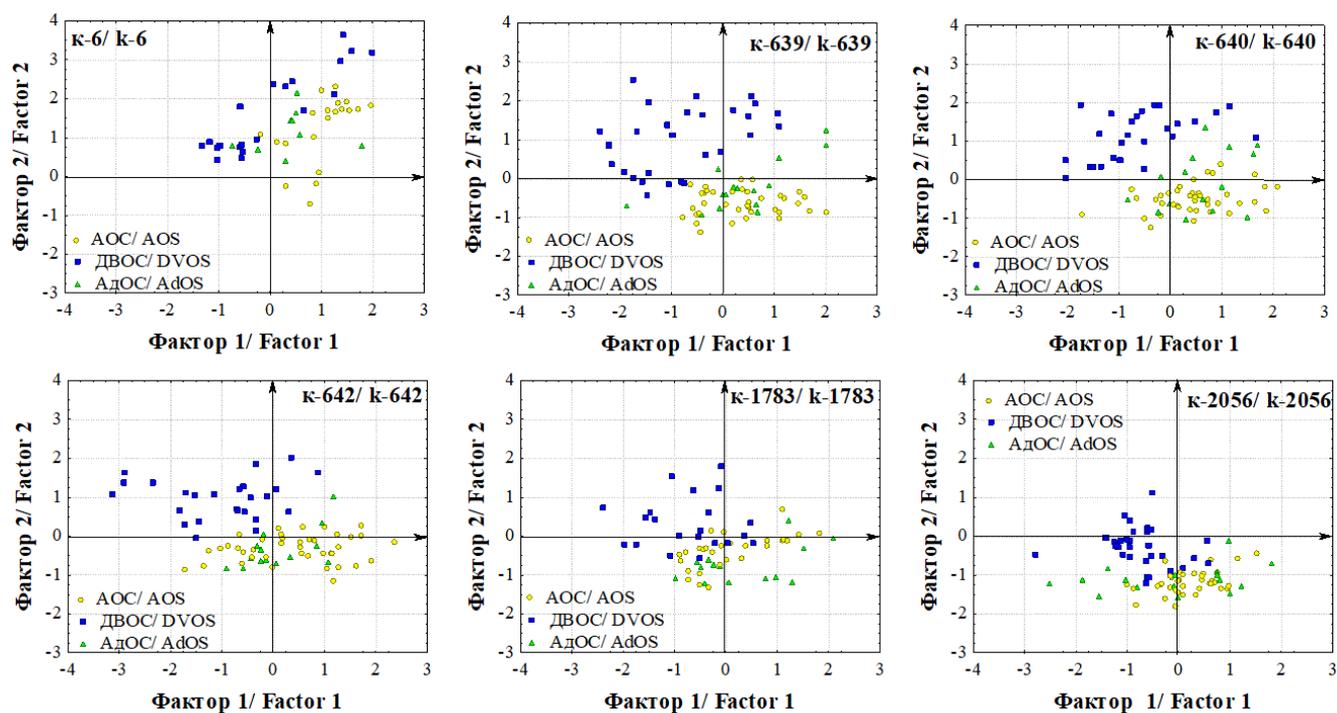


Рис. 5. Распределение образцов вигны к-6, к-639, к-640, к-642, к-1783, к-2056 (АОС, ДВОС и АдОС в 2019–2022 годах) в пространстве первых двух факторов.

Factor 1, Factor 2 – два первых фактора F 1 и F 2

Fig. 5. Scatterplot of cowpea accessions k-6, k-639, k-640, k-642, k-1783, k-2056 in the factorial space (AOS, DVOS, AdOS in 2019-2022)

Factor 1, Factor 2 – two first factors F 1 and F 2

тений при изменении продолжительного светового дня и показателей дневных и ночных температур (Nuxley, Summerfield, 1976; Summerfield et al., 1978). От показателей дневной температуры и продолжительности светового дня также зависела общая архитектура растений сои (длина стебля, число и длина междоузлий) (Nuxley et al., 1976; Inouye et al., 1979). Изучение влияния влажности воздуха на изменчивость морфологических и фенологических признаков растений немногочисленны. У растений вигны, выращенных в контролируемых условиях, приближенных к ариднему и муссонному климатам, отмечены достоверные различия по длине растения и черешка, длине и ширине первого листа (Krylova et al., 2022). Кроме того, у растений в условиях повышенной влажности воздуха чаще формировался выющийся побег. Изменение длины растений было обусловлено комплексным влиянием генотипа/образца и условий роста растений.

Результаты нашего четырехлетнего изучения вигны в различных эколого-географических условиях согласуются с полученными нами ранее результатами по исследованию изменчивости морфологических признаков в искусственных условиях контрастных только по влажности воздуха. Проведенное нами изучение варибельности фенологических и морфологических признаков в полевых условиях Астраханской области, Краснодар-

ского и Приморского краёв, а также статистическая обработка при помощи дисперсионного и факторного анализов выявили сложную структуру взаимосвязей. Было показано достоверное влияние на изменчивость фенологических и морфологических признаков комплекса факторов, таких как эколого-географические условия и влияние генотипа. Варьирование некоторых признаков в большей степени было обусловлено местом репродукции образца, в то время как изменчивость других была связана с генотипом. Кроме этого, на варьирование признаков влияли погодные условия. Стоит подчеркнуть, что из всех изученных морфологических признаков только длина растения была связана с показателями насыщенности воздуха влажностью, а именно количеством осадков и относительной влажностью воздуха. Взаимосвязей между другими морфологическими признаками и погодными условиями отмечено не было. У всех изученных образцов наблюдалась зависимость изменчивости длины стебля от погодных условий. Образцы к-639, к-640 и к-642 при повышенной влажности воздуха на ДВОС характеризовались индетерминантным типом роста стебля: у растений отмечалось формирование выющейся верхушки. В то время как в засушливых условиях АОС такой особенности зафиксировано не было: растения выращиваемых образцов имели относительно короткий стебель. Только сорт 'Лянчихе' (к-2056), несмотря на неболь-

шое увеличение длины стебля на ДВОС, сохранял компактность, в отличие от других образцов (к-639, к-640 и к-642, к-1783), для которых в условиях этой станции было отмечено значительное, в 1,5-2,0 раза, удлинение стебля и кроме этого, изменение архитектоники. Таким образом, в условиях избыточного увлажнения на юге Приморья для всех изученных образцов было выявлено увеличение длины стебля, однако, степень варьирования этого показателя была строго генотип-специфичной. Для образца к-642 было отмечено наиболее значительное изменение длины, более чем в 2,5 раза, стебель некоторых растений достигал более 3 метров в длину. Растения к-639, к-640 и к-642, обладая достаточно компактной архитектоникой в засушливых условиях, в Приморском крае превращались во вьющиеся лианы, непригодные для механизированного возделывания, поскольку для выращивания таких лиан требуется наличие шпалер. Только растения сорта 'Лянчихе' (к-2056) отличались от всех других изученных образцов стабильной низкорослостью и не меняли типа роста стебля. Несомненно, этот сорт имеет преимущества для выращивания в промышленных масштабах в условиях муссонного климата на территории Приморья.

### Заключение

В результате проведенного исследования было выявлено достоверное влияние генотипа и эколого-географических условий на изменчивость изученных признаков. В условиях избыточного увлажнения на юге Приморского края для большинства изученных образцов отмечалось значительное увеличение длины стебля, а также изменение типа его роста. Из всех генотипов только сорт 'Лянчихе' обладал компактной архитектоникой вне зависимости от условий выращивания, наблюдалось незначительное варьирование длины стебля.

Оценка диапазона изменчивости морфологических признаков является необходимым этапом для интенсификации успешной селекции современных сортов. Тип роста стебля является одним из хозяйственно ценных признаков и взаимосвязан с ростом растения в длину, продолжительностью цветения, урожайностью, устойчивостью к полеганию, а также пригодностью к механизированному возделыванию. Изучение изменчивости морфологических признаков в различных эколого-географических условиях и определение молекулярных механизмов, контролирующих стабильность типа роста и длины стебля, позволят перейти к более эффективному и быстрому созданию новых сортов. Это крайне важно для освоения новых ареалов возделывания для видов, востребованность которых в качестве источника пищи и кормов в Российской Федерации растёт.

### Список литературы

Burlyayeva M.O., Gurkina M.V., Chebukin P.A. Screening of long-

- podded cowpea (*Vigna unguiculata* subsp. *sesquipedalis* (L.) Verdc.) samples from VIR collection for resistance to biotic and abiotic stressors. *Seleksiya i semenovodstvo ovocnich kultur*. 2014;45:131-141. [In Russian] (Бурляева М.О., Гуркина М.В., Чебукин П.А. Скрининг образцов спаржевой вигны (*Vigna unguiculata* subsp. *sesquipedalis* (L.) Verdc.) из коллекции ВИР на устойчивость к абиотическим и биотическим стрессорам. *Селекция и семеноводство овощных культур*. 2014;45:131-141).
- Burlyayeva M.O., Gurkina M.V., Chebukin P.A. Studies of long-podded cowpea from VIR collection and the prospects of its cultivation in Russia. *Zemledelie = Crop Farming*. 2015;1:45-48. [In Russian] (Бурляева М.О., Гуркина М.В., Чебукин П.А. Изучение спаржевой вигны из коллекции ВИР и перспективы ее возделывания в России. *Земледелие*. 2015;1:45-48).
- Burlyayeva M.O., Gurkina M.V., Chebukin P.A., Kiseleva N.A. International descriptors for species of the genus *Vigna* Savi (Mezhdunarodny klassifikator vidov roda *Vigna* Savi). St. Petersburg: VIR; 2016. [In Russian] (Бурляева М.О., Гуркина М.В., Чебукин П.А., Киселева Н.А. Международный классификатор видов рода *Vigna* Savi. Санкт-Петербург: ВИР; 2016).
- Burlyayeva M.O., Gurkina M.V., Miroshnichenko E.V. Application of multivariate analysis to identify relationships among useful agronomic characters of cowpea and differentiation of cultivars for vegetable and grain uses. *Proceedings on Applied Botany, Genetics and Breeding*. 2021;182(4):36-47. [In Russian] (Бурляева М.О., Гуркина М.В., Мирошниченко Е.В. Применение многомерного анализа для выявления взаимосвязей хозяйственно ценных признаков вигны и дифференциации сортов по овощному и зерновому направлениям использования. *Труды по прикладной ботанике, генетике и селекции*. 2021;182(4):36-47). DOI: 10.30901/2227-8834-2021-4-36-47
- Chebukin P.A., Burlyayeva M.O. Comparatively study of varieties of vegetable cowpea of different breeding periods in Primoriye region. *Vegetable crops of Russia*. 2016;4(33):36-45. [In Russian] (Чебукин П.А., Бурляева М.О. Сравнительное изучение сортов овощной вигны разных периодов селекции при интродукции в Приморском крае. *Овощи России*. 2016;4(33):36-45).
- Chia S.Y., Lim M.W. A critical review on the influence of humidity for plant growth forecasting. *IOP Conference Series: Materials Science and Engineering*. 2022;1257:012001. DOI: 10.1088/1757-899X/1257/1/012001
- Dow El-Madina I.M., Hall A.E. Flowering of contrasting cowpea (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.) genotypes under different temperatures and photoperiods. *Field Crops Research*. 1986;14:87-104. DOI: 10.1016/0378-4290(86)90049-3
- Fanourakis D., Aliniaefard S., Sellin A., Giday H., Körner O.; Nejad A.R., Delis C., Bouranis D., Koubouris G., Kam-Bourakis E., Nikoloudakis N., Tsaniklidis G. Stomatal behavior following mid- or long-term exposure to high relative air humidity: A review. *Plant Physiology et Biochemistry* 2020;153:92-105. DOI: 10.1016/j.plaphy.2020.05.024
- Fortunatova O.K. The dependence of plant height on geographical factors of growth. *Proceedings on Applied Botany, Genetics and Breeding*. 1928;19(1):385-466. [In Russian] (Фортулатова О.К. Зависимость высоты растений от географических факторов произрастания. *Труды по прикладной ботанике, селекции и генетике*. 1928;19(1):385-466).
- Gerrano A.S., Adebola P.O., Jansen van Rensburg W.S., Laurie S.M. Genetic variability in cowpea (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.) genotypes. *South African Journal of Plant and Soil*. 2015;32(3):165-174. DOI: 10.1080/02571862.2015.1014435
- Gurkina M.V. Evaluation of the collection samples of the sparge tire as an initial material for selection in the Astrakhan region. *Vestnik of Prikaspiya*. 2018;3(22):27-32. [In Russian] (Гуркина М.В. Оценка коллекционных образцов спаржевой вигны как исходного материала для селекции в Астраханской области. *Вестник Прикаспия*. 2018;3(22):27-32).
- Gurkina M.V. Variability and correlations of economically valuable traits in cowpea from the VIR collection in the environments of Astrakhan provincer. *Proceedings on Applied Botany,*

- Genetics and Breeding*. 2019;180(1):59-65. [In Russian] (Гуркина М.В. Изменчивость и связи хозяйственно ценных признаков спаржевой вигны из коллекции ВИР в условиях Астраханской области. *Труды по прикладной ботанике, генетике и селекции*. 2019;180(1):59-65). DOI: 10.30901/2227-8834-2019-1-59-65
- Huxley P.A., Summerfield R.J. Effects of daylength and day/night temperatures on growth and seed yield of cowpea cv. K 2809 grown in controlled environments *Annals of Applied Biology*. 1976;83(2):259-271. DOI: <https://doi.org/10.1111/j.1744-7348.1976.tb00605.x>
- Huxley P.A., Summerfield R.J., Hughes A.P. Growth and development of soy-abean cv. TK5 as affected by tropical daylengths, day/night temperatures and nitrogen nutrition. *Annals of Applied Biology*. 1976;82(1):117-133. DOI: 10.1111/j.1744-7348.1976.tb01679.x
- Inouye J., Shanmugasundaram S., Masuyama T. Effects of temperature and daylength soybean on the flowering some photo-insensitive varieties. *Japanese journal of tropical agriculture*. 1979;22(4):167-171. DOI: 10.11248/JSTA1957.22.167
- Ivanter E.V., Korosov A.V. Introduction to quantitative biology (Vvedeniye v kolichestvennyu biologiyu). Petrozavodsk: PetrGU; 2011 [In Russian] (Ивантер Э.В., Коросов А.В. Введение в количественную биологию. Петрозаводск: ПетрГУ; 2011).
- Kondykov I.V., Zotikov V.I., Zelenov A.N., Kondykova N.N., Uvarov V.N. Biology and selection of determinant form of pea. Orel: Kartush; 2006 [In Russian] (Кондыков И.В., Зотиков В.И., Зеленов А.Н., Кондыкова Н.Н., Уваров В.Н. Биология и селекция детерминантных форм гороха. Орел: Картуш; 2006).
- Krylova E.A., Khlestkina E.K., Burlyaeva M.O. Influence of air humidity on variability of morphological features of *Vigna unguiculata* (L.) Walp. in artificial conditions. *Ecological genetics*. 2022;20(3):215-229. [In Russian] (Крылова Е.А., Хлесткина Е.К., Бурляева М.О. Влияние влажности воздуха на изменчивость морфологических признаков *Vigna unguiculata* (L.) Walp. в искусственных условиях. *Экологическая генетика*. 2022;20(3):215-229). DOI: 10.17816/ecogen108877
- Li X., Zhang P., Liu J., Wang H., Liu J., Li H., Xie H., Wang Q., Li L., Zhang S., Huang L., Liu L., Qin P. Integrated Metabolomic and Transcriptomic Analysis of the Quinoa Seedling Response to High Relative Humidity Stress. *Biomolecules*. 2023;3:1352. DOI: 10.3390/biom13091352
- Luzina Z.A. About the geographical variability of biological and economic characteristics of lentils. *Proceedings on Applied Botany, Genetics and Breeding*. 1962;34(1):164-175. [In Russian] (Лузина З.А. О географической изменчивости биологических и хозяйственных признаков чечевицы. *Труды по прикладной ботанике, селекции и генетике*. 1962;34(1):164-175).
- Methodology for state crop variety trials. First issue. General provisions (Metodika gosudarstvennogo sortoispytaniya selskokhozyaystvennykh kultur. Vypusk pervy. Obschaya chast). Moscow: Gossortkomissiya; 2019. [in Russian] (Методика государственного сортоиспытания сельскохозяйственных культур. Выпуск первый. Общая часть. Москва: Госсорткомиссия; 2019). URL: [https://gossortrf.ru/upload/2019/08/metodica\\_1.pdf](https://gossortrf.ru/upload/2019/08/metodica_1.pdf) [дата обращения: 25.07.2023].
- Mortensen L.M. Effects of air humidity on growth, flowering, keeping quality and water relations of four short-day green-house species. *Scientia Horticulturae*. 2000;86(4):299-310. DOI: 10.1016/S0304-4238(00)00155-2
- O'Leary J.W., Knecht G.N. The Effect of relative humidity on growth, yield, and water consumption of bean plants. *Journal of the American Society for Horticultural Science*. 1971;96(3):263-265. DOI: 10.21273/JASHS.96.3.263
- Shmidt V.M. Mathematical methods in botany (Matematicheskiye metody v botanike). Leningrad: Publishing house of Leningrad State University; 1984. [in Russian] (Шмидт В.М. Математические методы в ботанике. Ленинград: Изд-во ЛГУ; 1984).
- Specialized datasets for climate research. RIHMI-WDC: [website]. [in Russian] (Специализированные массивы для климатических исследований. ВНИИГМИ-МЦД: [сайт]). URL: <http://aisori-meteo.ru/waisori/index0.xhtml> [дата обращения: 30.01.2024].
- Stoilova T., Pereira G. Assessment of the genetic diversity in a germplasm collection of cowpea (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.) using morphological traits. *African Journal of Agricultural Research*. 2013;82:208-215. DOI: 10.5897/AJAR12.1633
- Summerfield R.J., Minchin F.R., Stewart K.A., Ndonguru B.J. Growth, reproductive development and yield of effectively nodulated cowpea plants in contrasting aerial environments. *Annals of Applied Biology*. 1978;90:277-291. DOI: 10.1111/j.1744-7348.1978.tb02636.x
- Summerfield R.J., Wien H.C. Effects of photoperiod and air temperature on growth and yield of economic legumes. In: R.J. Summerfield, A.H. Bunting (eds). *Advances in legumes science*. Royal Botanic Gardens, Kew; 1980. p.17-36.
- Talbot M. Yield variability of crop varieties in the U.K. *The Journal of Agricultural Science*. 1984;102(2):315-321. DOI: 10.1017/S0021859600042635
- Vavilov N.I. Geographical variability of plants. *Nauchnoe slovo*. 1928;1:23-33. [in Russian] (Вавилов Н.И. Географическая изменчивость растений. *Научное слово*. 1928;1:23-33).
- Vishnyakova M.A., Seferova I.V., Buravtseva T.V., Burlyaeva M.O., Semenova E.V., Filipenko G.I., Aleksandrova T.G., Egorova G.P., Yankov I.I., Bulyntsev S.V., Gerasimova T.V., Drugova E.V. VIR Global collection of grain legume crop genetic resources: replenishment, conservation and studying: methodological guidelines. M.A. Vishnyakova (ed.). 2nd ed. St. Petersburg: VIR, 2018. [in Russian] (Вишнякова М.А., Сеферова И.В., Буравцева Т.В., Бурляева М.О., Семенова Е.В., Филипенко Г.И., Александрова Т.Г., Егорова Г.П., Яньков И.И., Булынтцев С.В., Герасимова Т.В., Другова Е.В. Коллекция мировых генетических ресурсов зерновых бобовых ВИР: пополнение, сохранение и изучение: (методические указания). 2-е изд. / под ред. М.А. Вишняковой. Санкт-Петербург: ВИР; 2018).
- Weather and climate: reference and information portal (Pogoda i klimat: spravochno-informatsionny portal). 2024. [in Russian] (Погода и климат: справочно-информационный портал. 2024). URL: <http://www.pogodaiklimat.ru/> [дата обращения: 20.01.2024].
- Wien H.C., Summerfield R.J. Adaptation of cowpeas in West Africa: effects of photoperiod and temperature responses in cultivars of diverse origin. In: R.J. Summerfield, A.H. Bunting (eds). *Advances in legumes science*. Royal Botanic Gardens, Kew; 1980. p.405-417.
- Zhuchenko A.A. Adaptive Potential of Cultivated Plants (genetic and ecological bases). Chisinau: Stiinta, 1988. [In Russian] (Жученко А.А. Адаптивный потенциал культурных растений (эколого-генетические основы). Кишинев: Штиинца, 1988).

### Информация об авторах

**Екатерина Александровна Крылова**, и.о. старшего научного сотрудника, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова (ВИР), 190000 Россия, Санкт-Петербург, ул. Большая Морская, 42, 44, [e.krylova@vir.nw.ru](mailto:e.krylova@vir.nw.ru), <https://orcid.org/0000-0002-4917-6862>

**Ольга Александровна Чунихина**, научный сотрудник, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов имени Н.И. Вавилова (ВИР), Дальневосточная опытная станция – филиал ВИР, 690024 Россия, Владивосток, ул. Вавилова, 9, [chunikhina\\_o@mail.ru](mailto:chunikhina_o@mail.ru)

---

**Александр Петрович Бойко**, доктор сельскохозяйственных наук, директор станции, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов имени Н.И. Вавилова (ВИР), Адлерская опытная станция – филиал ВИР, 354340 Россия, Сочи, ул. Ленина, 95, aos.vir@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0002-1510-8546>

**Елена Викторовна Мирошниченко**, директор станции, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов имени Н.И. Вавилова (ВИР), Астраханская опытная станция – филиал ВИР, 416462 Россия, Астраханская обл., Приволжский район, с. Яксатово, aos\_vir@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0002-3171-4968>

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

**Марина Олеговна Бурляева**, кандидат биологических наук, ведущий научный сотрудник, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова (ВИР), 190000 Россия, Санкт-Петербург, ул. Б. Морская, 42, 44, m.burlyaeva@vir.nw.ru, <https://orcid.org/0000-0002-3708-2594>

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

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

**Olga A. Chunikhina**, Researcher, N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources (VIR), Far Eastern Experimental Station of VIR, 9, Vavilova Street, Vladivostok, 690024 Russia, chunikhina\_o@mail.ru

**Aleksander P. Boyko**, Dr. Sci. (Agronomy), Station Director, N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources, Adler Experimental Station of VIR, 95, Lenina Street, Sochi, 354340 Russia, aos.vir@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0002-1510-8546>

**Elena V. Miroshnichenko**, Station Director, N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources (VIR), Astrakhan Experimental Station of VIR, village Yaksatovo, Astrakhan region, 416162 Russia, aos\_vir@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0002-3171-4968>

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

**Marina O. Burlyeva**, Cand. Sci. (Biology), Leading Researcher, N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources, 42, 44, Bolshaya Morskaya Street, St. Petersburg, 190000 Russia, m.burlyaeva@vir.nw.ru, <https://orcid.org/0000-0002-3708-2594>

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

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

**Конфликт интересов:** авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

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

Статья поступила в редакцию 20.04.2024; одобрена после рецензирования 20.05.2024; принята к публикации 20.06.2024.

The article was submitted on 20.04.2024; approved after reviewing on 20.05.2024; accepted for publication on 20.06.2024.

Научная статья

УДК 633.13:581.192:543.421/.424

DOI: 10.30901/2658-6266-2024-2-01



## Применение БИК-спектроскопии для определения основных биохимических показателей качества зерна у овса песчаного

В. С. Попов, Т. В. Шеленга, Е. В. Блинова, В. И. Хорева

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

*Автор, ответственный за переписку:* Виталий Сергеевич Попов, popovitaly@yandex.ru

**Актуальность.** Разработка градуировочных моделей для экспресс оценки основных биохимических показателей качества зерна голозерных и пленчатых форм овса песчаного *Avena strigosa* Schreb. с помощью спектроскопии ближнего инфракрасного отражения (БИК) является важной и актуальной задачей современности. Использование цельного зерна для анализа позволяет сохранить особо ценный селекционный материал, что очень важно для селекционеров. **Материалы и методы.** Зерно овса песчаного (50 образцов из коллекции ВИР) выращивали в 2014–2020 годах в различных агроэкологических условиях Российской Федерации. Для получения данных о химическом составе овса песчаного, необходимых для построения градуировочных моделей, в отделе биохимии и молекулярной биологии ВИР проведено определение показателей качества зерна химическими методами: белка/азота – по Кельдалю, масла – в экстракторе Сокслета в модификации С.В. Рушковского, крахмала – поляриметрическим методом по Эверсу, бета-глюканов – гравиметрическим методом. **Результаты.** Получены градуировочные модели для ИК-анализатора MATRIX-I фирмы Bruker (Германия) по определению белка, масла, крахмала и бета-глюканов в цельных зернах овса песчаного. На проверочной партии (20 образцов) оценивали достоверность построенных моделей. Показано, что модели для определения белка, крахмала и масла являлись достоверными, а модель по определению бета-глюканов нуждается в доработке. Установлено, что разница между спектральными показаниями и стандартными химическими методами единичных значений в среднем составила для белка 0,38 %, крахмала 0,57 % и масла 0,30 %, что не превышает предельно допустимых значений погрешности в параллельных измерениях. Относительная разница у исследуемых показателей в среднем не превышает 3-6 %. **Заключение.** Предлагаемый физический метод анализа зерна овса песчаного позволяет в экспресс режиме проводить предварительную оценку селекционного материала с высокой скоростью анализа. Из основных преимуществ метода можно отметить возможность сохранения ценного исходного материала, повышение эффективности труда, а также получение после сканирования образца данных сразу по нескольким показателям и с заданной повторяемостью.

**Ключевые слова:** зерновые культуры, овёс щетинистый, *Avena strigosa* Schreb., градуировочная модель, метод спектроскопии в ближней ИК-области, белок, крахмал, масло, бета-глюканы

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

**Для цитирования:** Попов В.С., Шеленга Т.В., Блинова Е.В., Хорева В.И. Применение БИК-спектроскопии для определения основных биохимических показателей качества у овса песчаного. *Биотехнология и селекция растений*. 2024;7(2):31-41.  
DOI: 10.30901/2658-6266-2024-2-01

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

© Попов В.С., Шеленга Т.В., Блинова Е.В., Хорева В.И., 2024

---

Original article

DOI: 10.30901/2658-6266-2024-2-01

## Application of NIR spectroscopy to determine the basic biochemical parameters of black oat grain quality

Vitaliy S. Popov, Tatiana V. Shelenga, Elena V. Blinova, Valentina I. Khoreva

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

*Corresponding author:* Vitaliy S. Popov, popovitaly@yandex.ru

**Background.** The purpose of this work was to develop calibration models for rapid assessment of the main biochemical parameters of grain quality of naked and covered black oat (*Avena strigosa* Schreb.) using near-infrared reflectance (NIR) spectroscopy. The use of whole oat grains makes it possible to preserve breeding material of special value, which is very important for breeders. **Materials and methods.** Black oat grain from 50 accessions from the VIR collection was grown in 2014–2020 in various agro-ecological conditions of the Russian Federation. Chemical parameter values for constructing calibration models were determined in the Laboratory of Biochemistry and Molecular Biology of VIR using traditional methods, such as Kjeldahl for protein/nitrogen, Soxhlet extraction (modified by S.V. Rushkovsky) for oil, polarimetry according to Evers for starch, and gravimetry for beta-glucans. **Results.** The work resulted in the construction of calibration models for the determination of protein, oil, starch and beta-glucans in whole grains of black oat by a Bruker's MATRIX-I IR analyzer (Germany). A test batch of 20 accessions was used for assessing reliability of the constructed models. The models for determining protein, starch and oil were found to be reliable, while the model for determining beta-glucans needs improvements. It was found that the difference between the values obtained by spectroscopy and by standard chemical methods averaged 0.38 % for protein, 0.57 % for starch and 0.30 % for oil, which does not exceed the maximum permissible error of parallel measurements. The relative difference between the studied indicators does not exceed 3-6 % on an average. **Conclusion.** The proposed physical method for the analysis of black oat grain allows an express preliminary assessment of breeding material with a high speed of analysis. The main advantages of the method include the possibility of preserving valuable starting material, economizing on reagents, increasing labor efficiency, and obtaining data simultaneously on several parameters of the scanned sample with a specified repeatability.

**Keywords:** grain crops, *Avena strigosa* Schreb., calibration model, near-infrared reflectance (NIR) spectroscopy, protein, starch, oil, beta-glucans

---

**Acknowledgments:** The study was supported by the Russian Science Foundation grant No. 23-76-00005, <https://rscf.ru/project/23-76-00005/>

**For citation:** Popov V.S., Shelenga T.V., Blinova E.V., Khoreva V.I. Application of NIR spectroscopy to determine the basic biochemical parameters of black oat grain quality. *Plant Biotechnology and Breeding*. 2024;7(2):31-41. (In Russ.). DOI: 10.30901/2658-6266-2024-2-01

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

---

© Popov V.S., Shelenga T.V., Blinova E.V., Khoreva V.I., 2024

## Введение

Овес песчаный *Avena strigosa* Schreb., иначе называемый овсом щетинистым, представляет собой ценную кормовую культуру, имеет короткий вегетационный период, высокую продуктивность и пищевую ценность при высоком содержании белка (Sobczak et al., 2005; Macari et al., 2006; Paris et al., 2012). Раньше этот вид овса выращивали в основном в северной Шотландии для пищевых целей, а также для кормления животных на пастбищах и получения сена, но сейчас его выращивают в основном в Латинской Америке (Weibull et al., 2002). Несмотря на широкое распространение *A. strigosa*, долгое время не было изучено его разнообразие, однако овес песчаный имеет большой потенциал для поддержания биоразнообразия овса и программ селекции (Husson et al., 2012).

При изучении химического состава и изменений, происходящих в результате воздействия различных факторов среды при созревании и хранении зерна, используются различные лабораторные методы анализа. Одним из наиболее перспективных и информативных является метод спектроскопии ближнего инфракрасного отражения

(БИК-спектроскопии), который впервые был применен в зерновой промышленности в 1960-х годах (Hart, Norris, 1962).

Метод позволяет в экспресс-режиме проводить разнообразные биохимические исследования больших объемов коллекционного материала и в дальнейшем выделять образцы с наиболее перспективными свойствами для применения в пищевой и кормовой промышленности.

Целью работы является использование метода БИК-спектроскопии для определения основных биохимических показателей: содержание белка, крахмала, масла, бета-глюканов в зерне овса песчаного и построение соответствующих градуировочных моделей.

## Материалы и методы

Для построения градуировочных моделей использовали различные по происхождению, месту и году репродукции разновидности голозерных (12) и пленчатых (38) образцов зерна овса песчаного *Avena strigosa* Schreb. из коллекции ВИР, всего 50 образцов (табл. 1).

**Таблица 1. Образцы *A. strigosa* из коллекции ВИР для построения градуировочных моделей**

**Table 1. *A. strigosa* accessions from the VIR collection used for constructing calibration models**

№/ No.	№ кат. ВИР/ VIR cat. No.	Происхождение/ Origin	Место*-год репродукции/ Place*-year of reproduction
1	14942	Германия	ЕОС-2014
2	13439	Венгрия	ЕОС-2015
3	1267	Германия	ЕОС-2018
4	2350	Тверская обл.	ЕОС-2018
5	12240	Германия	ЕОС-2019
6	13081	США	ЕОС-2019
7	13112	Великобритания	ЕОС-2019
8	13133	Бразилия	ЕОС-2019
9	5196	Испания	КОС-2014
10	5288	Португалия	КОС-2015
11	5195	Испания	КОС-2016
12	5194	Испания	КОС-2017
13	9890	Болгария	КОС-2017
14	14674	Турция	КОС-2017
15	5193	Испания	КОС-2019
16	5197	Испания	КОС-2020
17	5199	Испания	КОС-2020
18	5244	Португалия	КОС-2020
19	14675	Турция	КОС-2020
20	5278	Португалия	КОС-2021

№/ No.	№ кат. ВИР/ VIR cat. No.	Происхождение/ Origin	Место*-год репродукции/ Place*-year of reproduction
21	11153	Франция	КОС-2014
22	11912	Финляндия	МОВИР-2012
23	3063	Белоруссия	МОВИР-2014
24	4917	Псковская обл.	МОВИР-2014
25	4919	Псковская обл.	МОВИР-2014
26	4920	Псковская обл.	МОВИР-2014
27	4968	Великобритания	МОВИР-2014
28	5011	Псковская обл.	МОВИР-2015
29	4480	Великобритания	МОВИР-2016
30	4482	Великобритания	МОВИР-2016
31	15130	Великобритания	МОВИР-2016
32	4913	Новгородская обл.	МОВИР-2017
33	4914	Новгородская обл.	МОВИР-2017
34	5010	Ленинградская обл.	МОВИР-2017
35	6596	Вологодская обл.	МОВИР-2017
36	6600	Ленинградская обл.	МОВИР-2017
37	14562	Дания	МОВИР-2017
38	15024	Великобритания	МОВИР-2017
39	4481	Великобритания	МОВИР-2019
40	5009	Новгородская обл.	МОВИР-2019
41	4035	Великобритания	МОВИР-2019
42	14943	Великобритания	МОВИР-2019
43	12562	Норвегия	МОВИР-2020
44	14944	Нидерланды	МОВИР-2020
45	15128	Великобритания	МОВИР-2020
46	14439	Великобритания	П-2016
47	6586	Псковская обл.	П-2020
48	6591	Псковская обл.	П-2020
49	9286	Украина	П-2020
50	14525	Франция	П-2022

\*МОВИР – Московское отделение ВИР (Михнево); КОС – Кубанская опытная станция; ЕОС – Екатеринбургская опытная станция; П – Пушкинские и Павловские лаборатории ВИР/ МОВИР – Moscow VIR Department (Mikhnevo); КОС – Kuban Experiment Station; ЕОС – Ekaterininskaya Experiment Station; П – Pushkin and Pavlovsk Laboratories of VIR

Агробиологические характеристики (посев, наблюдения и сбор урожая) овса проводили в соответствии с методическими рекомендациями (Loskutov et al., 2012). Климатические условия различались в разных местах выращивания образцов: они были прохладно-влажными в Ленинградской области, умеренными в Московском отделении и на Екатеринбургской опытной станции, засушливо-жаркими на Кубанской опытной станции в Краснодарском крае.

Перед проведением биохимического анализа зерно измельчали до размера частиц 10 мкм с помощью лабораторной дисковой мельницы CM 290 Cemotec (FOSS, Швеция). Полученную муку помещали в непрозрачные металлические боксы для защиты от света и предотвра-

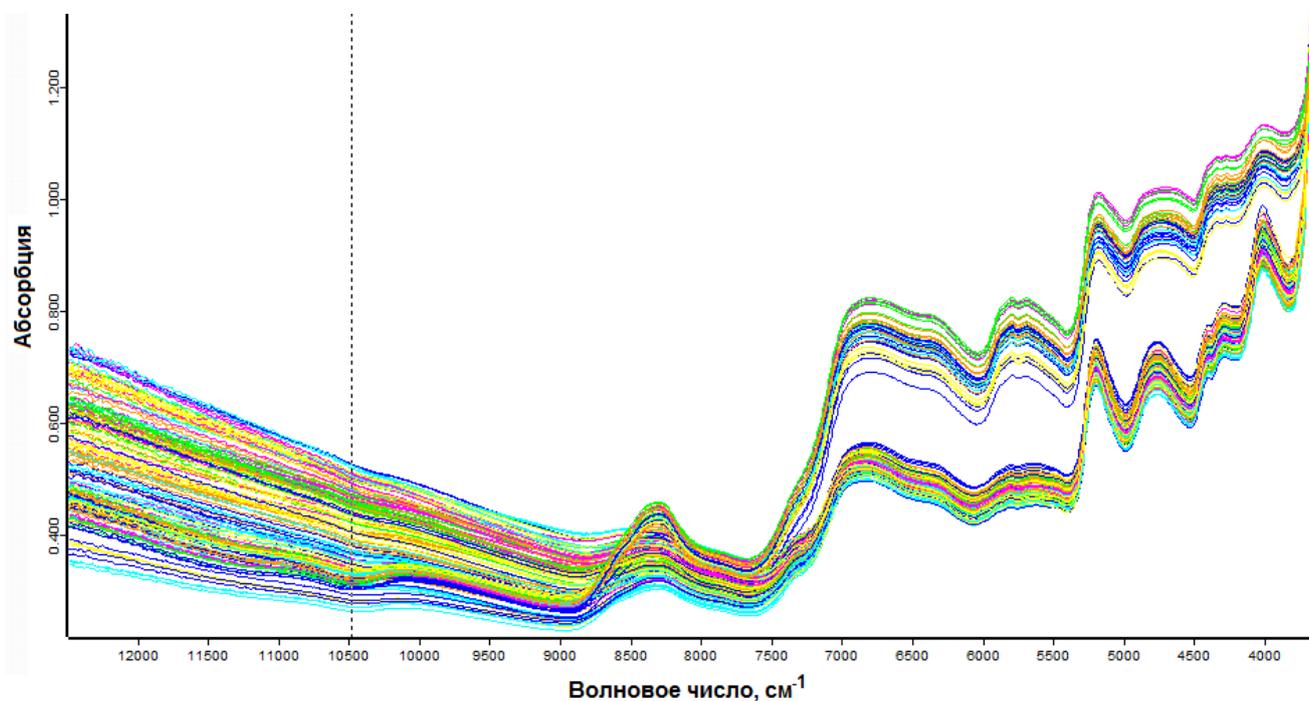
щения окисления масла. Исследования проводили согласно методикам, принятым в ВИР (Ermakov et al., 1987).

Содержание **белка** определяли по методу Кьельдаля, на приборе UDK 159 Velp Scientifica (Италия). Его рассчитывали по содержанию азота с использованием коэффициента 5,7; содержание **масла** определяли по массе сухого обезжиренного остатка в аппарате Сокслета, применяя в качестве растворителя петролейный эфир (40-70°C). Содержание **крахмала** определяли по Эверсу с помощью автоматического поляриметра SAC-i (ATAGO, Япония), используя коэффициент перерасчёта 1,3; содержание **бета-глюканов** – гравиметрическим методом (Popov et al., 2021); **сухого вещества в зерне** – воздушно-тепловым методом по ГОСТ 9404-88 (GOST 9404-88,

2007).

Спектры образцов овса песчаного регистрировали с помощью «Фурье-спектрометра MATRIX-I» фирмы «Bruker Optik GmbH» (Германия) в трех повторностях (навеска 25-30 г) в диапазоне  $0,780 \div 2,500$  мкм

( $12800 \div 4000$  см<sup>-1</sup> с разрешением 16 см<sup>-1</sup>) в соответствии с руководством к спектрометру MATRIX-I, используя зерновой модуль (кювета диаметром 51 мм). Получено 150 спектров для 50 образцов овса (рис. 1).



**Рис. 1. Инфракрасные спектры исследуемых образцов овса песчаного**

**Fig. 1. Infrared spectra of the studied black oat accessions**

Не существует фиксированного числа или практического правила для определения точного количества образцов, которые будут включены в градуировочную модель. Для технико-экономического обоснования и первоначальной градуировки следует взять как минимум 20 проб, но для более надежных калибровок может потребоваться несколько сотен образцов (Williams, 2001). Образцы для моделей исследовали при их фактической влажности.

После сопоставления данных, полученных химическими методами, и их спектров, а также последующей математической обработки с помощью программного обеспечения спектрометра OPUS Software, были построены градуировочные модели по определению содержания белка, масла, крахмала и бета-глюканов. Выполняя тест качества работы (PQ) и тест качества функционирования (OQ) для корректной работы прибора также применяли приложение OPUS Validation Program, необходимое для обеспечения автоматической проверки спектрометра. Значение коэффициента корреляции моделей составляло не менее 0,75. Статистическую обработку полученных данных производили с использованием пакета программ Microsoft Office 2016.

## Результаты и обсуждение

Ранее в отделе биохимии и молекулярной биологии ВИР были проведены исследования по освоению инфракрасного (ИК) анализатора MATRIX-I и разработаны градуировочные модели для определения различных макропоказателей для посевного овса, ячменя и некоторых других культур (Khoreva et al., 2022; Popov et al., 2024).

По своей структуре, форме, цвету овес песчаный существенно отличается от овса посевного, поэтому для его дальнейшего изучения и скрининговых исследований необходимо построение отдельных градуировок для БИК-спектроскопии.

Для построения устойчивых градуировочных моделей отобрано 50 образцов с максимально возможной изменчивостью процентного содержания (%): белка от 11,92 до 18,06 для пленчатых форм и от 16,06 до 21,30 для голозерных форм; крахмала – в пределах 39,31-48,34 и 52,83-56,90; масла – 3,78-5,78 и 4,63-8,10; бета-глюканов – 2,01-4,69 и 2,50-5,75, соответственно.

Обработка результатов химического анализа требует применения математики, статистики и вычислительных устройств, что относится к области хемометрики. Без вычислительных возможностей и многомерных методов применение БИК-спектроскопии было бы невозможно. На этапе разработки моделей с помощью программного обеспечения OPUS, партию образцов, выбранных для построения калибровочных моделей, разделили поровну – калибровочную и тестовую часть (по 75 образцов). В ходе построения модели просчитывали, с использованием разных алгоритмов, до 150 спектров по калибровочным образцам с проверкой их на тестовых образцах. В результате анализа спектральных данных построены калибровочные модели Strigosa\_Protein, Strigosa\_Starch, Strigosa\_Oil и Strigosa\_Glucans соответственно.

Однако, в процессе разработки моделей для повышения коэффициента детерминации из таблицы спектров (150) часть из них была удалена: 4 спектра из данных, относящихся к содержанию в зерне масла, 0 – белка и крахмала, 5 – бета-глюканов. Выбор типа предварительной обработки был осуществлён с помощью программы OPUS в зависимости от характеристик и представлял собой в случае белка – мультипликативную коррекцию рассеяния, крахмала – вторую производную, бета-глюканов и масла – векторную нормализацию. Оптимальная предварительная обработка для каждого спектра зависит от типа сигнала (коэффициента пропускания, отражения

света определенной длины волны), характеристик образца, конфигурации прибора.

Как видно из графика на рисунке 2, предсказанные значения для трех повторностей в случае модели содержания белка (Strigosa\_Protein) имеют небольшую дисперсию, располагаясь практически вдоль прямой. Высокий коэффициент детерминации  $R^2=92,41\%$  дает уверенность в достоверности получаемых результатов. Качество модели определяется также количеством факторов (рангов) – чем их меньше, тем лучше модель (Efimenko et al., 2016; Efimenko, Efimenko, 2019). В случае модели для содержания белка применяли 11 рангов для поиска множественной корреляции между спектральными данными и концентрацией компонента в многофакторном анализе. Среднеквадратичная ошибка предсказания RMSEP (Root Mean Squared Error of Prediction) составляет 0,639%, что говорит об ее «удовлетворительном качестве». Показатель RPD (Residual Prediction Deviation) остаточного отклонения предсказания для ранга оценивает устойчивость полученной зависимости. В случае модели для содержания белка он составил 3,63, что соответствует высокой оценке устойчивости (Efimenko, Efimenko, 2022). Разница между истинным значением параметра, полученного с помощью биохимического анализа, и ожидаемым, то есть показателем смещения или статистической предвзятости (Bias), составляет -0,0331, что подтверждает практически полное совпадение.

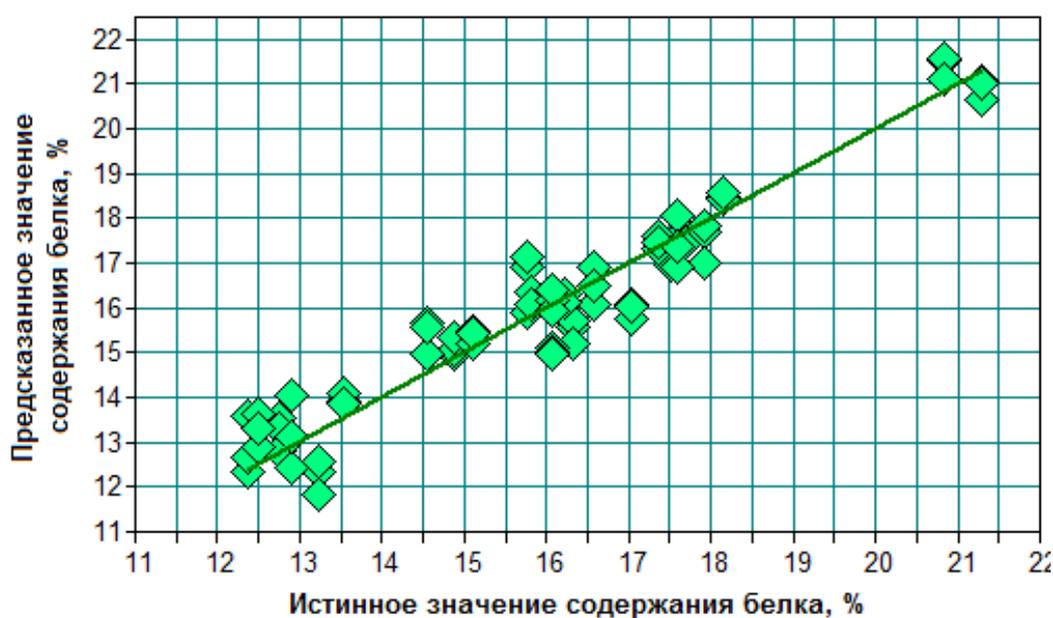


Рис. 2. Предсказанные значения содержания белка в зерне (ось Y) по сравнению с истинными значениями содержания белка (ось X) калибровочной модели Strigosa\_Protein

Fig. 2. Predicted values of protein content in grain (Y-axis) vs. true protein content (X-axis) in the Strigosa\_Protein calibration model

Для калибровочной модели содержания крахмала (Strigosa\_Starch), масла (Strigosa\_Oil) и бета-глюканов (Strigosa\_Glucans), соответственно: R2 – 96,22, 84,15,

11,24; количество рангов в многофакторном анализе – 5, 15, 13; RMSECV – 0,984%, 0,281%, 0,678%; RPD – 5,63, 2,56, 1,4; Bias – -0,398, 0,0533, 0,443 (рис. 3, 4, 5).

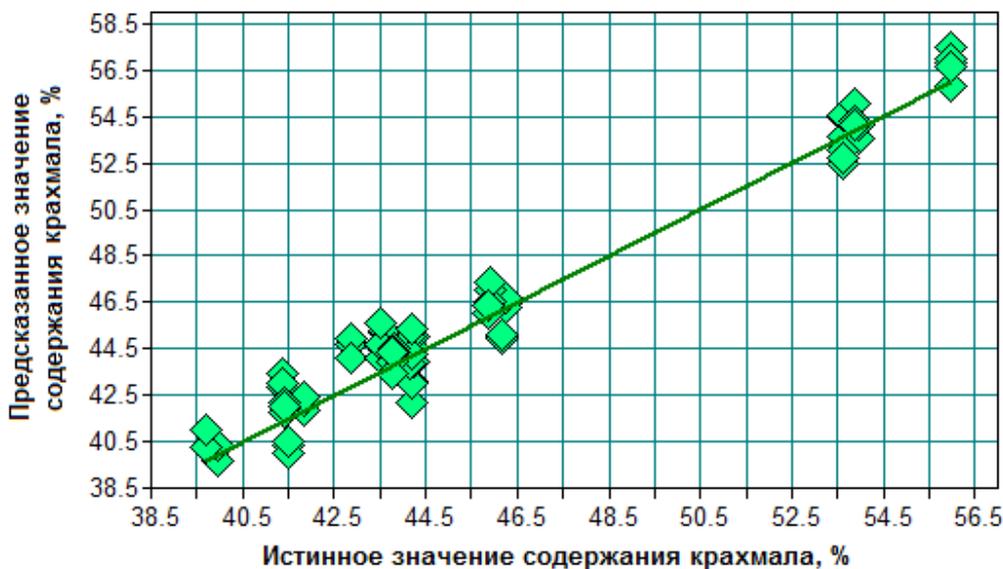


Рис. 3. Предсказанные значения содержания крахмала в зерне (ось Y) по сравнению с истинными значениями содержания крахмала (ось X) калибровочной модели Strigosa\_Starch

Fig. 3. Predicted values of starch content in grain (Y-axis) vs. true starch content (X-axis) in the Strigosa\_Starch calibration model

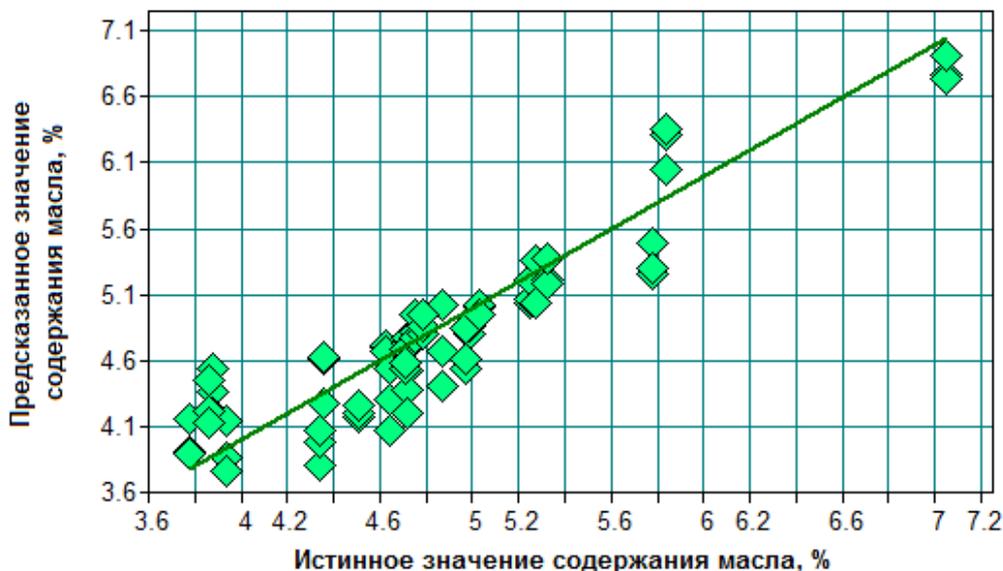
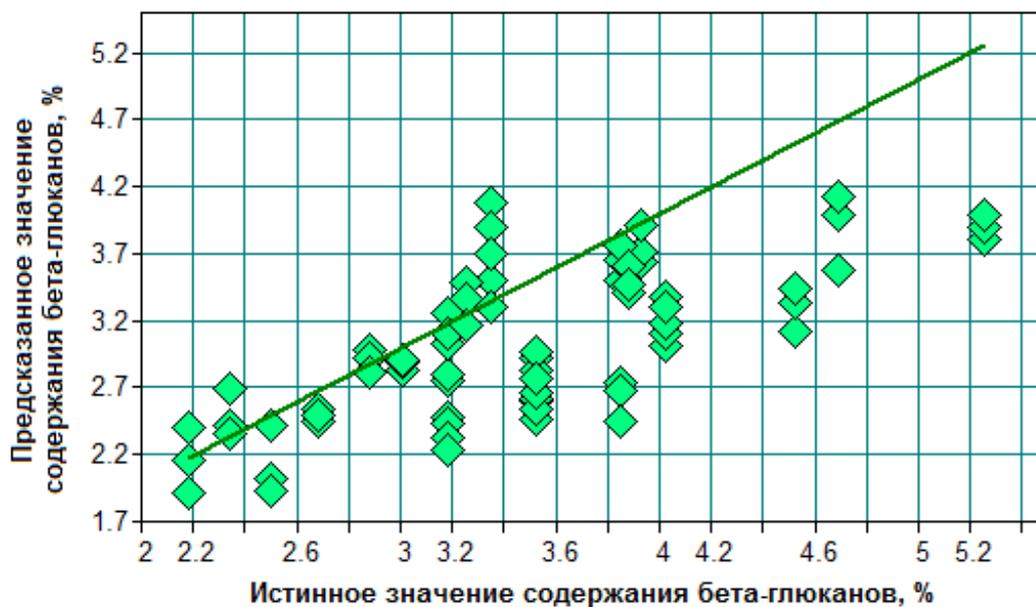


Рис. 4. Предсказанные значения содержания масла в зерне (ось Y) по сравнению с истинными значениями содержания масла (ось X) калибровочной модели Strigosa\_Oil

Fig. 4. Predicted values of oil content in grain (Y-axis) vs. true oil content (X-axis) in the Strigosa\_Oil calibration model



**Рис. 5. Предсказанные значения содержания бета-глюканов в зерне (ось Y) по сравнению с истинными значениями содержания бета-глюканов (ось X) калибровочной модели Strigosa\_Glucans**

**Fig. 5. Predicted values of beta-glucan content in grain (Y-axis) vs. true beta-glucan content (X-axis) in the Strigosa\_Glucans calibration model**

Согласно вышеуказанным показателям градуировочная модель для бета-глюканов не является «устойчивой» и в настоящий момент не может быть использована для экспресс-оценки зерна овса песчаного. Характер же расположения значений в градуировочных моделях, полученных для масла, крахмала и белка, являются перспективными для последующей доработки с помощью результатов, полученных для образцов зерна овса других мест и лет репродукции.

Сравнительный анализ проверочной партии новых образцов овса песчаного (10 голозерных и 10 пленчатых форм) по содержанию белка, крахмала и масла в зерне не выявил существенных различий (табл. 2). Установлено, что разница между спектральными показаниями и стандартными химическими методами определения единичных значений составила в среднем для белка от -0,63 до

0,53 %, для крахмала от -1,13 до 0,79 %, для масла от -0,39 до 0,47 % и в среднем составила 0,38 %, 0,57 % и 0,30 %, соответственно.

Предельно допустимое значение погрешности в параллельных измерениях стандартными методами не должно превышать для белка – 0,5%, для крахмала – 1,0% и для масла – 0,7% (GOST 10846-91, 2009a; GOST 10845-98, 2009b; GOST 13496.15-97, 2011). Таким образом, небольшие отклонения наблюдаются по показателям содержания крахмала и белка в зерне, что может быть в дальнейшем устранено путем расширения калибровок с использованием новых образцов овса.

Относительная разница между химическими методами анализа зерна и физическим методом, основанным на ИК-спектроскопии, в среднем не превышает 3-6%.

**Таблица 2. Сравнительный анализ зерна овса песчаного по содержанию белка, крахмала и масла, определяемому химическим и спектральным методами**

**Table 2. Comparative analysis of protein, starch and oil content in black oat kernels determined by traditional and spectral methods**

№/ No.	Химический метод/ Chemical method			Спектральный метод/ Spectral method			Разница абсолютная/ Absolute difference			Разница относительная/ Relative difference		
	Б*	К*	М*	Б	К	М	Б	К	М	Б	К	М
<b>Пленчатые образцы/ Covered accessions</b>												
1	16,31	44,18	4,36	16,78	44,42	4,04	-0,47	-0,24	0,32	2,88	0,55	7,23
2	16,32	39,31	4,06	16,52	39,11	4,33	-0,20	0,20	-0,28	1,22	0,50	6,78

№/ No.	Химический метод/ Chemical method			Спектральный метод/ Spectral method			Разница абсолютная/ Absolute difference			Разница относительная/ Relative difference		
	Б*	К*	М*	Б	К	М	Б	К	М	Б	К	М
3	12,76	39,97	4,63	13,23	41,10	5,01	-0,47	-1,13	-0,39	3,70	2,82	8,32
4	14,89	46,25	4,72	14,79	46,01	4,44	0,10	0,24	0,27	0,67	0,52	5,83
5	15,55	46,67	4,05	15,28	46,32	3,85	0,27	0,35	0,20	1,72	0,75	4,94
6	13,53	46,16	4,99	14,02	46,68	4,55	-0,49	-0,52	0,44	3,64	1,13	8,82
7	11,92	48,34	5,19	12,14	48,14	4,84	-0,22	0,20	0,35	1,84	0,41	6,74
8	12,37	44,25	4,64	12,11	45,14	4,93	0,26	-0,89	-0,30	2,14	2,01	6,36
9	14,44	39,93	4,56	14,24	40,68	4,27	0,20	-0,75	0,28	1,42	1,88	6,26
10	12,50	39,71	4,97	13,09	39,19	4,65	-0,59	0,52	0,32	4,68	1,32	6,44
<b>Ср. (пл.)</b>	<b>14,06</b>	<b>43,48</b>	<b>4,61</b>	<b>14,22</b>	<b>43,68</b>	<b>4,49</b>	<b>0,33</b>	<b>0,50</b>	<b>0,32</b>	<b>2,39</b>	<b>1,19</b>	<b>6,77</b>
<b>Голозерные образцы/ Naked accessions</b>												
1	17,68	55,66	6,54	18,07	55,26	6,79	-0,39	0,40	-0,26	2,22	0,71	3,90
2	18,72	53,60	7,05	18,19	54,57	6,58	0,53	-0,97	0,47	2,81	1,81	6,67
3	20,29	53,97	5,25	20,39	54,61	4,79	-0,10	-0,64	0,46	0,48	1,18	8,76
4	18,82	54,70	6,52	18,31	55,59	6,15	0,51	-0,89	0,37	2,68	1,63	5,67
5	18,97	53,87	5,27	18,53	54,58	5,31	0,44	-0,71	-0,04	2,30	1,33	0,85
6	20,96	52,83	4,63	20,47	53,61	4,88	0,49	-0,78	-0,26	2,35	1,49	5,51
7	20,73	53,60	5,32	21,23	52,81	4,98	-0,50	0,79	0,34	2,43	1,47	6,39
8	19,09	53,76	6,83	19,72	53,40	6,56	-0,63	0,36	0,27	3,27	0,67	3,95
9	17,22	55,96	5,84	16,69	56,54	5,85	0,53	-0,58	-0,02	3,11	1,04	0,26
10	16,04	56,90	7,50	16,26	57,20	7,11	-0,22	-0,30	0,39	1,37	0,53	5,20
<b>Ср. (г.)</b>	<b>18,85</b>	<b>54,48</b>	<b>6,07</b>	<b>18,79</b>	<b>54,82</b>	<b>5,90</b>	<b>0,43</b>	<b>0,64</b>	<b>0,29</b>	<b>2,30</b>	<b>1,19</b>	<b>4,72</b>
<b>Среднее</b>	<b>16,46</b>	<b>48,98</b>	<b>5,34</b>	<b>16,50</b>	<b>49,25</b>	<b>5,20</b>	<b>0,38</b>	<b>0,57</b>	<b>0,30</b>	<b>2,35</b>	<b>1,19</b>	<b>5,74</b>

\*Б – белок, %; К – крахмал, %, М – масло, %; Ср. (пл.) – средние значения у пленчатых образцов, %; Ср. (г.) – средние значения у голозерных образцов, %.

## Заклучение

Получены градуировочные модели для определения содержания белка, крахмала, масла в зерне голозерных и пленчатых образцов овса песчаного, которые являются достоверными и надежными. Показатели апробированы на новых образцах овса с известными значениями анализируемых показателей. Модель для определения содержания бета-глюканов нуждается в доработке.

Постоянное обновление градуировочных моделей, добавление при необходимости новых образцов разных лет и мест репродукции, а также использование стандартов для периодических проверок является обязательным условием для сохранения с течением времени хороших прогнозирующих способностей БИК-градуировок.

Экспресс анализаторы на основе БИК-технологии используются на производственных площадках, а также на площадках контроля качества для экспресс-анализа входящего сырья или же оценки параметров готовой продукции. Данный метод не требует специальной пробоподготовки, дорогих реагентов, посуды и очень прост в обслуживании.

## References/Литература

- Efimenko S.G., Efimenko S.K. Determination of oil and moisture contents in mustard seeds using IR spectrometry. *Oil Crops*. 2019;4(180):36-44. [in Russian] (Ефименко С.Г., Ефименко С.К. Определение содержания масла и влаги в семенах горчицы с помощью ИК-спектроскопии. *Масличные культуры*. 2019;4(180):36-44). DOI: 10.25230/2412-608X-2019-4-180-36-44
- Efimenko S.G., Efimenko S.K. Express-estimation of oil content and the main fatty acid contents in oil of turnip rape seeds using IR-spectrometry. *Oil Crops*. 2022;1(189):34-44. [in Russian] (Ефименко С.Г., Ефименко С.К. Экспресс-оценка массовой доли масла и содержания основных жирных кислот масла в семенах сурепицы с помощью ИК-спектроскопии. *Масличные культуры*. 2022;1(189):34-44).
- Efimenko S.G., Kucherenko L.A., Efimenko S.K., Nagalevskaya Ya.A. Evaluation of the general qualitative traits of soybean seeds using IR-spectrometry. *Oil Crops. Scientific and Technical Bulletin of VNIIMK*. 2016;3(167):33-38. [in Russian] (Ефименко С.Г., Кучеренко Л.А., Ефименко С.К., Нагалеvская Я.А. Оценка основных показателей качества семян сои с помощью ИК-спектроскопии. *Масличные культуры. Научно-технический бюллетень ВНИИМК*. 2016;3(167):33-38).
- Ermakov A.I., Arasimovich V.V., Yarosh N.P., Peruanskiy Y.V., Lukovnikova G.A., Ikonnikova M.I. Methods of biochemical studies of plants (Metody biokhimicheskogo issledovaniya rasteniy). A.I. Ermakov (ed.). 3<sup>rd</sup> ed. Leningrad: Agropromizdat; 1987. [in Russian] (Ермаков А.И., Арасимович В.В., Ярош Н.П., Перуанский Ю.В., Луковникова Г.А.,

- Иконникова М.И. Методы биохимического исследования растений / под ред. А.И. Ермакова. 3-е изд. Ленинград: Агропромиздат; 1987).
- GOST 9404-88. Flour and bran. Method for determining humidity. Moscow: Standardinform; 2007. [in Russian] (ГОСТ 9404-88. Мука и отруби. Метод определения влажности. Москва: Стандартинформ; 2007).
- GOST 10846-91. Grain and products of its processing. Protein determination method. Moscow: Standardinform; 2009a. [in Russian] (ГОСТ 10846-91. Зерно и продукты его переработки. Метод определения белка. Москва: Стандартинформ; 2009а).
- GOST 13496.15-97. Feed, compound feed, compound feed raw materials. Methods for determining crude fat content. Moscow: Standardinform; 2011. [in Russian] (ГОСТ 13496.15-97. Корма, комбикорма, комбикормовое сырье. Методы определения содержания сырого жира. Москва: Стандартинформ; 2011).
- GOST 10845-98. Grain and products of its processing. Method for determination of starch. Moscow: Standardinform; 2009b. [in Russian] (ГОСТ 10845-98. Зерно и продукты его переработки. Метод определения крахмала. Москва: Стандартинформ; 2009b).
- Hart J.R., Norris K.H. Determination of the moisture content of seeds by Near Infrared spectrophotometry of their methanol extracts. *Cereal chemistry*. 1962;39:94-99.
- Husson O., Charpentier H., Michellon R., Razanamparany C., Moussa N., Enjalric F., Naudin K., Rakotondramanana, Seguy L. Avoine *Avena sativa* et *Avena strigosa*. In: *Manuel pratique du semis direct à Madagascar. Vol. 3*. Antananarivo: CIRAD; 2012. 8 p. [in French]. Available from: <https://www.supagro.fr/ress-pepites/ingenierieprobleme/res/avoine.pdf> [accessed Jan. 22, 2024].
- Khoreva V.I., Popov V.S., Kon'kova N.G. Application of the IR spectrometry method in the screening study of various oat species. *Ecological genetics*. 2022;20(4):349-357. DOI: 10.17816/ecogen108503
- Loskutov I.G., Kovaleva O.N., Blinova E.V. (comp.). Guidelines for the study and preservation of the global collection of barley and oats (Metodicheskie ukazaniya po izucheniyu i sokhraneniyu mirovoy kolleksii yachmenya i ovsy). I.G. Loskutov (ed.). 4<sup>th</sup> ed. St. Petersburg: VIR; 2012. [in Russian] (Методические указания по изучению и сохранению мировой коллекции ячменя и овса / сост.: И.Г. Лоскутов, О.Н. Ковалева, Е.В. Блинова; под ред. И.Г. Лоскутова. Изд. 4-е, доп. и перераб. Санкт-Петербург: ВИР; 2012).
- Macari S., Rocha M.G., Restle J., Pilau A., Freitas F.K. de, Neves F.P. Evaluation of a mixture of black oats (*Avena strigosa* Schreb.) cultivars with Italian ryegrass (*Lolium multiflorum* Lam.) under grazing (Avaliacao da mistura de cultivares de aveia preta (*Avena strigosa* Schreb) com azevem (*Lolium multiflorum* Lam.) sob pastejo) [in Portuguese]. *Ciencia Rural*. 2006;36(3):910-915. DOI: 10.1590/S0103-84782006000300028
- Paris W., Marchesan R., Cecato U., Martin T.N., Ziech M.F., Borges G.D.S. Dynamics of yield and nutritional value for winter forage intercropping. *Acta Scientiarum*. 2012;34(2):109-115.
- Popov V.S., Perchuk I.N., Khoreva V.I. A gravimetric method for the quantitative determination of soluble  $\beta$ -glucan content in oat grain. *Plant Biotechnology and Breeding*. 2021;4(1):5-12. [in Russian] (Попов В.С., Перчук И.Н., Хорева В.И. Гравиметрический метод количественного определения растворимых  $\beta$ -глюканов в зерне овса. *Биотехнология и селекция растений*. 2021;4(1):5-12). DOI: 10.30901/2658- 6266-2021-1-01
- Popov V.S., Shelenga T.V., Kovaleva O.N., Khoreva V.I. Methodological aspects of using NIR spectroscopy to assess biochemical indicators in barley grain. *Proceedings on Applied Botany, Genetics and Breeding*. 2024;185(1):1-9. [in Russian] (Попов В.С., Шеленга Т.В., Ковалева О.Н., Хорева В.И. Методические аспекты использования БИК-спектроскопии для определения биохимических показателей зерна ячменя. *Труды по прикладной ботанике, генетике и селекции*. 2024;185(1):1-9). DOI: 10.30901/2227-8834-2024-1-1-9
- Sobczak M.F., Olivo C.J., Gabbi A.M., Charão P.S., Heimerdinger A., da Silva J.H.S., Pereira L.E.T., Ziech M.F., Rossarolla G. Evaluation of an elephant grass pasture mixed with black oats managed under agro ecological principles in the winter period. *Livestock Research for Rural Development*. 2005;17(6):71. Available from: <http://www.lrrd.cipav.org.co/lrrd17/6/fat117071.htm> [accessed Jan. 22, 2024].
- Weibull J., Bojesen L.L.J., Rasomavieius V. *Avena strigosa* in Denmark and Lithuania: Prospects for *in situ* conservation. *Plant Genetic Resources Newsletter*. 2002;131:1-6.
- Williams P.C., Implementation of Near-Infrared technology. In: *Near-Infrared technology in the agricultural and food industries*. P.C. Williams, K. Norris (eds). 2<sup>th</sup> ed. Ch. 8. St. Paul: AACCC; 2001. p.145-169.

### Информация об авторах

**Виталий Сергеевич Попов**, кандидат технических наук, старший научный сотрудник, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова (ВИР), 190000 Россия, Санкт-Петербург, ул. Большая Морская, 42, 44, [popovitaly@yandex.ru](mailto:popovitaly@yandex.ru), <https://orcid.org/0000-0003-3274-7662>

**Татьяна Васильевна Шеленга**, кандидат биологических наук, ведущий научный сотрудник, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова (ВИР), 190000 Россия, Санкт-Петербург, ул. Большая Морская, 42, 44, [tatianashelenga@yandex.ru](mailto:tatianashelenga@yandex.ru), <https://orcid.org/0000-0003-3992-5353>

**Елена Владимировна Блинова**, кандидат сельскохозяйственных наук, старший научный сотрудник, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова (ВИР), 190000 Россия, Санкт-Петербург, ул. Большая Морская, 42, 44, [e.blinova@vir.nw.ru](mailto:e.blinova@vir.nw.ru), <https://orcid.org/0000-0002-8898-4926>

**Валентина Ивановна Хорева**, кандидат биологических наук, ведущий научный сотрудник, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова (ВИР), 190000 Россия, Санкт-Петербург, ул. Большая Морская, 42, 44, [horeva43@mail.ru](mailto:horeva43@mail.ru), <https://orcid.org/0000-0003-2762-2777>

### Information about the authors

**Vitaliy S. Popov**, Cand. Sci. (Engineering), Senior Researcher, N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources (VIR), 42, 44, Bolshaya Morskaya Street, St. Petersburg, 190000 Russia, [popovitaly@yandex.ru](mailto:popovitaly@yandex.ru), <https://orcid.org/0000-0003-3274-7662>

**Tatiana V. Shelenga**, Cand. Sci. (Biology), Leading Researcher, N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources (VIR), 42, 44, Bolshaya Morskaya Street, St. Petersburg, 190000 Russia, [tatianashelenga@yandex.ru](mailto:tatianashelenga@yandex.ru), <https://orcid.org/0000-0003-3992-5353>

---

**Elena V. Blinova**, Cand. Sci. (Agriculture), Senior Researcher, N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources (VIR), 42, 44, Bolshaya Morskaya Street, St. Petersburg, 190000 Russia, e.blinova@vir.nw.ru, <https://orcid.org/0000-0002-8898-4926>

**Valentina I. Khoreva**, Cand. Sci (Biology), Leading Researcher, N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources (VIR), 42, 44, Bolshaya Morskaya Street, St. Petersburg, 190000 Russia; horeva43@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0003-2762-2777>

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

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

**Конфликт интересов:** авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

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

Статья поступила в редакцию 25.04.2024; одобрена после рецензирования 06.06.2024; принята к публикации 20.06.2024.

The article was submitted on 25.04.2024; approved after reviewing on 06.06.2024; accepted for publication on 20.06.2024.

Обзорная статья  
УДК 633.14:631.527:581.19  
DOI: 10.30901/2658-6266-2024-2-03



## Принципы селекции ржи с низким содержанием водорастворимых пентозанов в зерне

О. В. Солодухина

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

*Автор, ответственный за переписку:* Ольга Владимировна Солодухина, osolodukhina@yandex.ru

Озимая рожь – вторая после пшеницы хлебная культура. По питательной ценности белка превосходит другие зерновые культуры за счет высокого содержания лизина, метионина, валина и сбалансированности по другим незаменимым аминокислотам. Прямое использование зерна хлебопекарной ржи на корм животным ограничивают содержащиеся в нем водорастворимые пентозаны (арабиноксиланы). Поэтому создание низкопентозановой ржи с высокопитательным зерном – перспективное направление в селекции зернофуражных сортов. Под руководством и при непосредственном участии В.Д. Кобылянского в ВИР имени Н.И. Вавилова за период 2004-2021 годов разработана технология селекции низкопентозановой ржи универсального использования. Выявлена связь пониженного содержания пентозанов с тонкопокровностью зерен. Предложен эффективный метод идентификации низкопентозановых генотипов по признаку тонкопокровности зерновки. Этим методом исследованы 562 образца из коллекции ВИР, представленные популяциями сортовой, сорно-полевой и дикорастущей ржи. Установлено, что количество тонкопокровных зерен, в зависимости от образца, варьирует от 12 до 70%. Сорты, имеющие наибольшую частоту низкопентозановых генотипов, могут служить исходным материалом для селекции. Установлена зависимость низкого содержания водорастворимых пентозанов в зерне от экспрессии рецессивных аллелей гена/генов, ответственных за проявление признака. Для создания зернофуражных сортов предложено использовать метод накопительных внутрипопуляционных скрещиваний и метод попарного переопыления растений с индикаторными колосями. Созданы популяционные сорта низкопентозановой ржи универсального использования: 'Вавиловская', 'Берегиня', 'Подарок', 'Янтарная', 'Красноярская универсальная', 'Новая Эра' и 'Арга'. Эти сорта характеризуются низким, как у пшеницы, содержанием пентозанов. Они прошли оценку в основных зонах выращивания ржи, испытаны в качестве сырья для кормопроизводства и хлебопечения и не уступают по урожайности ранее районированным (хлебопекарным) сортам. Хлебопекарные свойства новых сортов не выходят за пределы аналогичных показателей у хлебопекарной ржи. Использование низкопентозановых сортов в рационах животных снимает проблему, существующую в случае кормления зерном хлебопекарной ржи.

**Ключевые слова:** *Secale cereale*, водорастворимые арабиноксиланы, генотипическая изменчивость, структура оболочки зерна, создание сортов универсального использования

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

**Для цитирования:** Солодухина О.В. Принципы селекции ржи с низким содержанием водорастворимых пентозанов в зерне. *Биотехнология и селекция растений*. 2024;7(2):42-52. DOI: 10.30901/2658-6266-2024-2-03

Прозрачность финансовой деятельности: Автор не имеет финансовой заинтересованности в представленных материалах или методах. Автор благодарит рецензентов за их вклад в экспертную оценку этой работы. Мнение журнала нейтрально к изложенным материалам, автору и его месту работы.

© Солодухина О.В., 2024

## Review article

DOI: 10.30901/2658-6266-2024-2-03

## Principles of rye breeding for low content of water-soluble pentosans in grain

**Olga V. Solodukhina**

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

*Corresponding author:* Olga V. Solodukhina, osolodukhina@yandex.ru

Winter rye is the second cereal crop after wheat. Rye exceeds other cereals in terms of nutritional value due to the high content of lysine, methionine, valine, as well as the balance of other essential amino acids in its protein. The direct use of baking rye grain as an animal feed is limited by the presence of water-soluble pentosans (arabinoxylans) in it. Therefore, the creation of low-pentosan rye with highly nutritious grain is a very perspective direction in the grain feed cultivar breeding. Under the leadership and with direct participation of Vladimir D. Kobylansky, a technology for breeding multiple-use low-pentosan rye was worked out at the N.I. Vavilov VIR in 2004-2021. A relationship between the low pentosan content and grain coat thinness has been revealed. For the first time, an effective method of low-pentosan genotypes identification by selecting thin-coat grains has been developed. This method was used to study 562 accessions from the VIR collection represented by cultivar populations, weedy and wild rye. It has been established that the number of thin-coat grains in a sample varies from 12 to 70%, depending on the accession. Varieties with the highest frequencies of low-pentosan genotypes can be used as initial material for breeding. The dependence of low content of water-soluble pentosans in grains on the expression of recessive alleles of the gene/genes responsible for the manifestation of the trait has been revealed. To create grain feed cultivars, it is proposed to use the method of cumulative intrapopulation crosses and the method of pairwise cross-pollinations of the plants with indicator ears. As a result, new cultivar populations of low-pentosan rye for universal use have been created, namely 'Vavilovskaya', 'Bereginya', 'Podarok', 'Yantarnaya', 'Krasnoyarskaya Universalnaya', 'Novaya Era', and 'Arga'. These cultivars are characterized by a low, as in wheat, genetically determined content of pentosans. They have been evaluated in the main rye growing regions, tested as raw material for fodder production and bread baking, and found to match the previously released commercial (bread) cultivars in terms of yield. The baking properties of new cultivars do not exceed those of bread rye. The use of low-pentosan cultivars in animal diets eliminates the problem that exists when feeding them with bread rye grain. These cultivars have no analogs in the world; they are listed in the State Register for Selection Achievements Admitted for Usage (2023).

**Keywords:** *Secale cereale*, water-soluble arabinoxylans, genotypic variability, grain coat structure, creation of cultivars for universal use

**Acknowledgments:** The research was performed within the framework of the State Assignment according to the Thematic Plan of VIR, Project No. FGEM-2022-0009 "Structuring and disclosing the potential of hereditary variation in the global collection of cereal and groat crops at VIR for the development of an optimized genebank and its sustainable utilization in plant breeding and crop production".

**For citation:** Solodukhina O.V. Principles of rye breeding for low content of water-soluble pentosans in grain. *Plant Biotechnology and Breeding*. 2024;7(2):42-52. (In Russ.). DOI: 10.30901/2658-6266-2024-2-03

Financial transparency. The author has no financial interest in the presented materials or methods. The author thanks the reviewers for their contribution to the peer review of this work. The journal's opinion is neutral to the presented materials, the author, and her employer.

---

© Solodukhina O.V., 2024

## Введение

Рожь посевная *Secale cereale* L. как зерновая культура широко возделывается в условиях умеренного климата в России, Белоруссии, Польше, Германии, Украине, в Китае и странах Ближнего Востока. Посевная рожь – 14-ти хромосомный диплоидный вид, является ветроопыляемой культурой и представлена самонесовместимыми формами озимого и ярового типа развития.

Широкое распространение приобретает искусственно полученная автотетраплоидная форма с удвоенным числом хромосом ( $2n=28$ ), которая распространена в основном в России и Белоруссии. Диплоидная и тетраплоидная формы не скрещиваются или слабо (0,3–0,5%) скрещиваются между собой, в результате чего дают потомство с ограниченной плодовитостью.

В зерне ржи содержится 9–18,5% белка, который по питательной ценности превосходит таковой пшеницы и ячменя за счет сбалансированности и более высокого содержания незаменимых аминокислот – лизина, метионина, валина, и соответствует белку коровьего молока на 83%, тогда как протеин пшеницы – лишь на 41% (Kobylyansky, 1982). В отличие от других зерновых культур, рожь содержит большое количество пентозанов. Разные формы пентозанов выполняют жизненно важные функции, обеспечивая жизнеспособность растений: рибоза участвует в обменных процессах и при формировании ДНК и РНК, ответственных за наследственность и изменчивость; арабиноза и ксилоза (арабиноксиланы) обеспечивают образование склеренхимных тканей растений и проводящих тканей корней, стеблей и плодов. К примеру, арабиноксиланы входят в состав гемицеллюлозы и, наряду с лигнином, целлюлозой и минеральными веществами, являются компонентами структуры клеточных стенок тканей растений и зерна (Kobylyansky, Solodukhina, 2013). Водорастворимых пентозанов (пятиуглеродных полимеров), представленных арабинозой и ксилозой (ВАК), в зерне ржи в 3–4 раза больше, чем в пшенице. Это создает проблему при прямом использовании высокопитательного ржаного зерна на кормовые цели.

Будучи полимерами с высокой молекулярной массой, ВАК обладают высокой гидрофильностью – способностью поглощать воды в 8–10 раз больше своей массы, поэтому при скармливании зерна ржи животным в их желудке образуется липкая слизь, обволакивающая пищевой ком. За счет того, что сельскохозяйственные животные (особенно с однокамерным желудком) не имеют ферментов для расщепления пентозанов, а последние не гидролизуются дрожжами, нарушается процесс пищеварения (Cyran et al., 1995; Boros, 2007). В результате затрудняется доступ пищеварительных ферментов к питательным веществам зерна, ограничиваются всасывание и усвоение продуктов пищеварения. В связи с этим, в комбикормовой промышленности России использование цельного зерна хлебопекарной ржи в рационах животных составля-

ет всего 8–12% от его валового сбора (Winter gye, 2007). Чаще всего ржаное зерно используют в виде смесей с другими зерновыми культурами. Частичное решение этой проблемы достигнуто за счет применения различных технологий: механическая, термическая обработки зерна, обработка электромагнитным полем, введение в рационы животных ферментов, гидролизующих пентозаны, и другие приемы (Volynkina, 2011; Sitnikov et al., 2013; Ismagilov et al., 2023a; 2023b). Использование таких технологий приводит к удорожанию кормов и продуктов животноводства, и, как следствие, к снижению востребованности высокопитательного зерна ржи в кормопроизводстве.

Проблема использования зерна ржи в качестве корма давно привлекала внимание исследователей в нашей стране и за ее пределами. Селекционное решение проблемы кормового качества сортов значительно отстает от решения задач хлебопекарной промышленности. Считается, что содержание пентозанов в большей мере зависит от вида, сорта и генотипа растений (Jurgens et al., 2012; Ponomareva, Ponomarev, 2019). Существует мнение, что задачи селекции ржи на хлебопекарную и зернофуражную пригодность не совпадают, и их следует решать в рамках независимых селекционных программ. Для создания хлебопекарных сортов необходима селекция на высокое содержание ВАК, для производства кормов – на низкое их содержание (Flamme et al., 1996; Ismagilov et al., 2006; Goncharenko et al., 2007; 2015).

В Башкирском государственном аграрном университете и в Татарском научно-исследовательском институте сельского хозяйства изучают сортовые различия качества зерна ржи, его кормовую и хлебопекарную пригодность. В этой связи сорта ‘Огонек’, ‘Радонь’, ‘Безенчукская 87’, ‘Саратовская 6’, ‘Антарес’, ‘Марусенька’ и ‘Чулпан 7’ могут быть использованы в селекции кормовых сортов (Ismagilov, Gaysina, 2015; Ponomareva et al., 2015; 2017). Согласно проведенным исследованиям, наиболее высокое содержание ВАК отмечено в зерне сорта ‘Ирина’ (3,50–4,3%), а наименьшее – в зерне ‘Саратовской 7’ (2,12%) (Ismagilov, Akhiyarova, 2012).

В последнее время показана возможность использования маркер-ориентированной селекции при создании сортов ржи с низкой вязкостью зернового шрота, обусловленной пониженным содержанием водорастворимых пентозанов (Zaikina et al., 2023). В связи с этим, создание низкопентозановой ржи с высокопитательным зерном, сочетающей требования кормовой и хлебопекарной ржи – чрезвычайно перспективное направление в селекции новых сортов.

Основные изложенные в данной статье принципы работы по созданию низкопентозановой универсальной ржи разработаны во Всероссийском институте генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова (ВИР) и апробированы в различных селекционных центрах Российской Федерации: Татарском НИИСХ, ФГУП «Котласское», Псковском НИИСХ, Уральском НИИСХ, Красно-

ярском НИИСХ.

### Методы идентификации генотипов растений с низким содержанием водорастворимых пентозанов в зерне

Первоначально с целью поиска исходного материала для селекции низкопентозановых сортов ржи зарубежными исследователями был апробирован метод, основанный на определении показателя вязкости водного экстракта зерна (ВВЭ). Например, польскими учеными (Boros et al., 1993; Boros, 2007) обнаружена связь между содержанием водорастворимых арабиноксиланов и ВВЭ у озимой и яровой ржи, тритикале и пшеницы. В результате была определена возможность использования степени ВВЭ как важного показателя при определении кормовых и хлебопекарных качеств зерна ржи. Другие авторы экспериментально подтвердили надежность такого подхода (Goncharenko et al., 2007; Jurgens et al., 2012; Ibragimova, Kuluev, 2020).

Есть мнение, что, хотя ВВЭ и коррелирует с содержанием ВАК, окончательный вывод целесообразно делать лишь по результатам многолетних наблюдений в контрастных условиях произрастания ржи (Goncharenko et al., 2007). Так, в результате целенаправленного дивергентного отбора по уровню ВВЭ в течение 10 лет из популяционных сортов ржи 'Альфа' и 'Московская 12' были получены субпопуляции, имеющие контрастную ВВЭ по каждому сорту. Исследования показали, что у низкопентозановых аналогов ухудшались хлебопекарные качества, наблюдалась тенденция к снижению урожая зерна за счет уменьшения массы 1000 зерен и натуре зерна (Goncharenko et al., 2016; 2017). К сожалению, использование показателя низкой ВВЭ в селекции не привело к созданию низкопентозановых популяционных сортов.

В других экспериментах при изучении инбредных линий был выделен материал с контрастными показателями ВВЭ, пригодный для целевой селекции гибридных сортов ржи (Madej et al., 1990; Boros et al., 1997; Kolasinska et al., 2003; Syran et al., 2012). Примером успешной селекции на низкое содержание водорастворимых пентозанов в зерне является сорт гибридной ржи 'КВС Авиатор', имеющий низкие значения ВВЭ (Zaikina et al., 2023).

Использование методов биохимического анализа зерна для определения ВАК в зерне ржи не всегда подходит для исследования популяционных сортов. Ввиду того, что популяционный сорт объединяет в себе генотипы растений, различающихся по содержанию в зерне водорастворимой фракции пентозанов, биохимический показатель качества будет меняться в зависимости от состава исследуемой выборки, то есть от соотношения растений и, соответственно, зерновок, имеющих альтернативное содержание ВАК. Кроме того, при использовании различных методов биохимического анализа для определения качества и количества пентозанов в зерне, не всегда удается получить однозначные сопоставимые результаты

(Gilmullina et al., 2021; Zaikina et al., 2023). Невозможно использовать биохимический метод для оценки небольшого количества зёрен, которыми располагает селекционер, так как в процессе исследования нарушается целостность зерновок и тем самым разрушается объект селекции.

Исключениями являются изучение самоопылённых линий, используемых для селекции гибридных сортов ржи, и оценка клонов при клоновой селекции растений. В этом случае, изолированная часть каждого клона или линии в каждом отдельном случае представляет собой генетически однородный по изучаемому признаку материал.

Фактором, ограничивающим широкое использование биохимических методов для анализа зерна у большого количества образцов, является их дороговизна, и длительность их проведения.

Учитывая вышеизложенное, мы в своих исследованиях используем другую возможность идентификации низкопентозановых генотипов среди популяционных сортов озимой ржи. Используя факт, что у зерновых культур пентозаны локализируются преимущественно в покровах зерновок (перикарпии), семенной кожуре (спермодерме) и алейроновом слое (Kretovich, Petrova, 1951; Dimenshtein et al., 1958), нами были проведены исследования, направленные на изучение анатомо-морфологической структуры зерновок ржи, различающихся по содержанию ВАК. Удалось показать тесную связь между толщиной оболочек зерновок ржи и содержанием в них водорастворимых пентозанов: чем тоньше покровы зерновки, тем меньше в ней ВАК. В данном случае тонкопокровность или ложная стекловидность зерна является генетическим маркером низкого (0,3–0,9%) содержания водорастворимых пентозанов. Замечено, что значительное уменьшение толщины оболочек с 102 до 60,5 мкм достоверно сопровождалось снижением содержания ВАК в зерне с 2,2 до 0,5–0,9% (Kobylyansky et al., 2021). Низкое содержание ВАК у тонкопокровных зерновок обусловлено меньшим по объему местом их локализации в оболочках, в межклеточном пространстве и алейроновом слое. Тонкопокровность низкопентозановых зерновок диагностируется через ложную стекловидность, то есть прозрачность зерновки при мучнистом эндосперме. Использование такого маркера позволяет исключить применение биохимических методов при идентификации низкопентозановых зерновок. Все это явилось основой нашей разработки экспресс-метода, позволяющего идентифицировать и отбирать низкопентозановые зерна ржи, не нарушая целостности зерновки (Kobylyansky, Solodukhina, 2013).

В отличие от других хлебных злаков, все сорта культурной ржи и ее дикорастущие родичи характеризуются внутривидовым диморфизмом, проявляющимся в существовании двух фракций зерна, различающихся по толщине покровов. Например, зерно толстопокровной фракции имеет толстую грубую морщинистую оболочку, а тонкопокровной – гладкую полупрозрачную, которая

почти в два раза тоньше, чем у первой фракции.

Обследование 562 образцов коллекции сортовой, сорно-полевой и дикорастущей (ломкой) ржи показало, что количество тонкопокровных (низкопентозановых) зерен, в зависимости от образца, варьирует от 12% до 70% (Kobylyansky et al., 2021). Тонкопокровные (низкопентозановые) зерновки можно обнаружить при их просвечивании лучами белого цвета. На просвет они выглядят подобными стекловидным.

По результатам биохимического анализа установлено, что зерновки ржи, подобные стекловидным, характеризуются низким (0,3–0,9%) содержанием ВАК. Следовательно, отбирая тонкопокровные зерновки, мы отбираем генотипы ржи, определяющие низкое содержание пентозанов в зерне, что соответствует цели создания низкопентозановых сортов. Согласно этому, тонкопокровность и ложная стекловидность являются маркерами низкого содержания ВАК в зерне.

К сожалению, рожь остается одной из самых малоизученных в генетическом отношении зерновой культурой. В литературе на данный момент имеется мало информации о генах, влияющих на содержание пентозанов в зерне

ржи (Kozlova et al., 2022). Изучение ржи, пшеницы и трикале позволило некоторым исследователям (Boros et al., 2002) утверждать, что гены, контролирующие содержание пентозанов, распределены по всем хромосомам, и их много, что исключает возможность манипулировать ими в процессе селекции.

У растений в биосинтез арабиноксиланов вовлечены гены, обуславливающие синтез ферментов гликозилтрансфераз, которые секвенированы у мягкой пшеницы, ячменя и некоторых других злаковых. В связи с тем, что *S. cereale* является близким родственником пшеницы, при поиске генов гликозилтрансфераз ржи можно ожидать присутствия в её геноме нуклеотидных последовательностей, сходных с таковыми мягкой пшеницы (Delcour et al., 1989; 1991). Содержание арабиноксилановой фракции пентозанов в зерне ржи зависит не только от функционирования ферментов их биосинтеза, но и от комплекса ферментов их деградации – ксиланаз (Ibragimova, Kuluev, 2020).

Экспериментами установлена зависимость низкого содержания ВАК в зерне от экспрессии рецессивных аллелей гена/генов, ответственных за присутствие водорастворимых пентозанов (табл. 1).

**Таблица 1. Взаимодействие аллелей генов, контролирующих водорастворимые арабиноксиланы (ВАК) в зерне озимой ржи**

(по В.Д. Кобылянский, О.В. Солодухина, 2009)

**Table 1. Interaction of alleles of genes controlling water-soluble arabinoxylans (WS-AX) in winter rye grain**  
(according to V.D. Kobylyansky, O.V. Solodukhina, 2009)

Комбинация скрещивания (сорта и линии)/ Crossing combination (cultivars and lines)	Содержание ВАК в зерне, % (в расчете на сухое вещество)/ WS-AX content in grain, % (in terms of dry matter)			Степень доминирования высокого содержания ВАК, S (ha)/ Degree of dominance of high WS-AX content, S (ha)
	♀	F <sub>1</sub>	♂	
Коминакс штамм 37/08 г	1,20	2,07	2,08	0,99
Минакс штамм 2/05 г	1,15	2,08	2,08	0,99
Эра Л 32/06 г	1,32	2,03	2,01	1,00
Иммунная 762 г	1,43	2,17	2,08	0,97
Волхова 2 г	1,43	2,01	2,00	1,03
Эра Л 74/06 г	1,20	2,09	2,08	1,03
Минакс штамм 173/06 г	1,20	1,20	1,20	0,00
Коминакс штамм 37/08 г	1,20	1,20	1,15	0,01

Согласно результатам реципрокных скрещиваний, влияние отцовских компонентов скрещивания на качество (содержание ВАК) гибридных семян материнских растений не замечено, то есть мужской гаметофит не оказывает влияния на степень проявления признака (табл. 2).

Имеющаяся информация позволила предложить новый подход к созданию исходного материала для селекции низкопентозановых сортов ржи (Kobylyansky, Solodukhina, 2023). Особенность и оригинальность предложенной технологии состоит в том, что для отбора

используют не все зерновки исходной популяции сорта ржи, а только ту её фракцию, которая характеризуется тонкими покровами. В качестве исходного материала целесообразно брать лучшие или перспективные сорта ржи, адаптированные к тем почвенно-климатическим условиям выращивания растений, для которых создается новый сорт. Наиболее эффективным исходным материалом, ускоряющим селекцию зернофуражной ржи, могут служить низкопентозановые сорта, которые уже созданы для разных экологических зон РФ.

**Таблица 2. Содержание водорастворимых арабиноксиланов в гибридных зерновках ржи, полученных в результате реципрокных скрещиваний**

(Санкт-Петербург, Пушкин) (по В.Д. Кобылянский, О.В. Солодухина, 2009)

**Table 2. Content of water-soluble arabinoxylans in grain of hybrid rye from reciprocal crosses**

(St. Petersburg, Pushkin) (according to V.D. Kobylyansky, O.V. Solodukhina, 2009)

Компоненты скрещивания/ Components for crossing	Содержание ВАК в зерне, %/ WS-AX content in grain, %	Реципрокные гибриды/ Reciprocal hybrids	Содержание ВАК в гибридном зерне, %/ WS-AX content in hybrid grain, %
Клон 289/07	2,00	Клон 289/07 г	2,00
Клон 246/07	0,53	Клон 246/07 г	0,54
Клон 74/07	1,20	Клон 74/07 г	1,20
Сорт 'Дымка'	2,08	Сорт 'Дымка' г	2,08

Элитное зерно этих сортов можно использовать в контролируемых скрещиваниях в качестве материнских компонентов или как исходный материал для отбора лучших генотипов, выявившихся при выращивании в зоне селекции. Для расширения генофонда ржи в ВИР созданы доноры, сочетающие низкое содержание ВАК в зерне с высокими показателями важных агрономических и других ценных для селекции признаков растений (Kobylyanskii, Solodukhina, 2015).

Охарактеризуем основные методы, которые были использованы в ВИР при селекции форм ржи, характеризующихся низким уровнем содержания водорастворимых пентозанов в зерне без использования методов биохимического анализа.

**Метод накопительных внутрипопуляционных скрещиваний**

Особо ценными для селекции на низкопентозановость являются рецессивное наследование признака и незначительная его изменчивость независимо от места и условий выращивания (Kobylyansky, Solodukhina, 2009). Это позволяет в процессе селекции получать нерасщепляющиеся по признаку популяции растений для разных зон возделывания ржи.

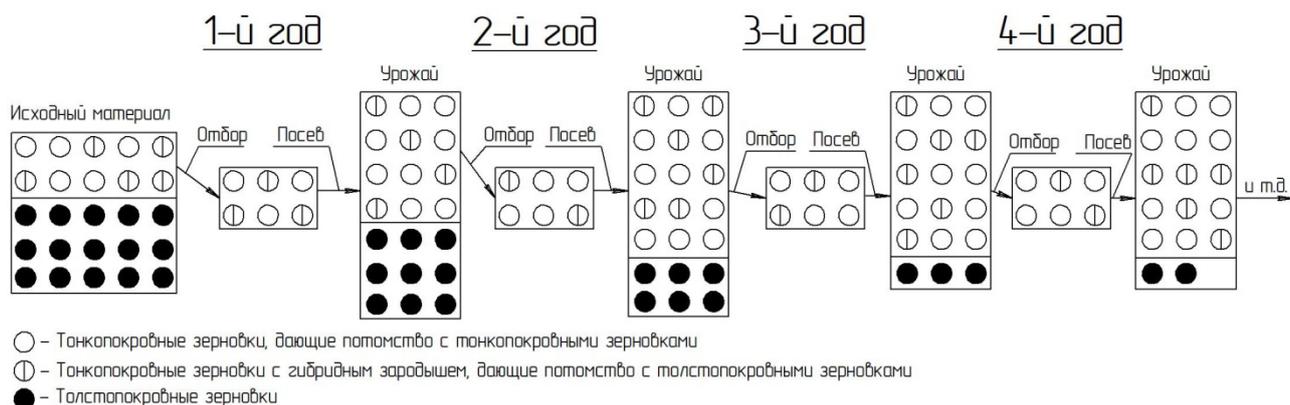
Нужно учитывать, что все сорта ржи состоят из двух фракций растений, имеющих тонкопокровное и толстопокровное зерно. При размножении растения сорта произвольно скрещиваются внутри популяции ржи под изоляционной кабиной или на изолированном участке. В результате одна часть растений с тонкопокровным зерном, полученным от скрещивания с аналогичными растениями, формируют тонкопокровное зерно. При посеве из такого гибрида вырастает низкопентозановое тонкопокровное потомство. Другая часть растений с тонкопокровным зерном при скрещивании с растениями, имеющими зерно с толстыми оболочками, в результате отсутствия влияния мужского гаметофита на проявление признака, формируют зерно, имеющее гибридный

зародыш, но тонкопокровный перикарпий, сформированный из материнских клеток. В результате при посеве такого зерна вырастает высокопентозановая рожь с толстопокровными зернами. Схематично процесс накопления зерен с тонкими оболочками при внутрипопуляционных скрещиваниях показан на рисунке 1.

Этот метод, используемый на начальных этапах селекции, предусматривает систематический отбор (в течение 1-6 поколений) ложностекловидных зерен, их посев и размножение под изолятором в условиях, исключающих нежелательное опыление. Такие внутрипопуляционные скрещивания приводят к накоплению в потомствах числа зерен с признаком тонкопокровности и увеличению доли однородных тонкопокровных и уменьшению доли гетерогенных потомств в создаваемых низкопентозановых популяциях. В зависимости от первоначальной частоты нужных зерен в исходной популяции и качества отбора, при достижении 40–50% низкопентозановых зерновок в новой популяции частота тонкопокровных форм, однородных по признаку низкого содержания ВАК, будет составлять примерно 20%.

В течение всего периода накопительных скрещиваний растений из посева необходимо удалять растения, не отвечающие требованиям селекции по другим признакам.

После завершения внутрипопуляционных накопительных скрещиваний, отобранные по фенотипу тонкопокровные зерновки будут не одинаковы по генотипу (гомозиготные или гетерозиготные) и давать уже в первом поколении однородное нерасщепляющееся потомство с тонкопокровным зерном, или гетерогенное потомство, расщепляющееся на растения с тонко- и толстопокровным зерном. После завершения внутрипопуляционных накопительных скрещиваний необходимо в питомнике попарного переопыления провести отбор растений, дающих в потомстве только однородные (нерасщепляющиеся) популяции, характеризующиеся тонкопокровными зерновками.



**Рис. 1. Схема внутривидовых накопительных скрещиваний растений ржи для увеличения доли тонкопокровных зерен в популяции сорта**  
(по В.Д. Кобылянский, О.В. Солодухина, 2023)

**Fig. 1. Scheme of accumulative intrapopulation crosses of rye plants to increase the proportion of thin-coat grains in a cultivar population**  
(according to V.D. Kobylyansky, O.V. Solodukhina, 2023)

### Метод попарного переопыления растений с индикаторными колосьями

Метод был предложен и апробирован еще в 1972 году для отбора в гибридных потомствах растений, гомозиготных по гену *H1*, контролирующему доминантную короткостебельность ржи (Kobylyansky, 1982). Позднее этот ген, названный *Ddw1* (от *Dominant dwarfness*), был локализован в длинном плече 5R хромосомы ржи (Korzun et al., 1996).

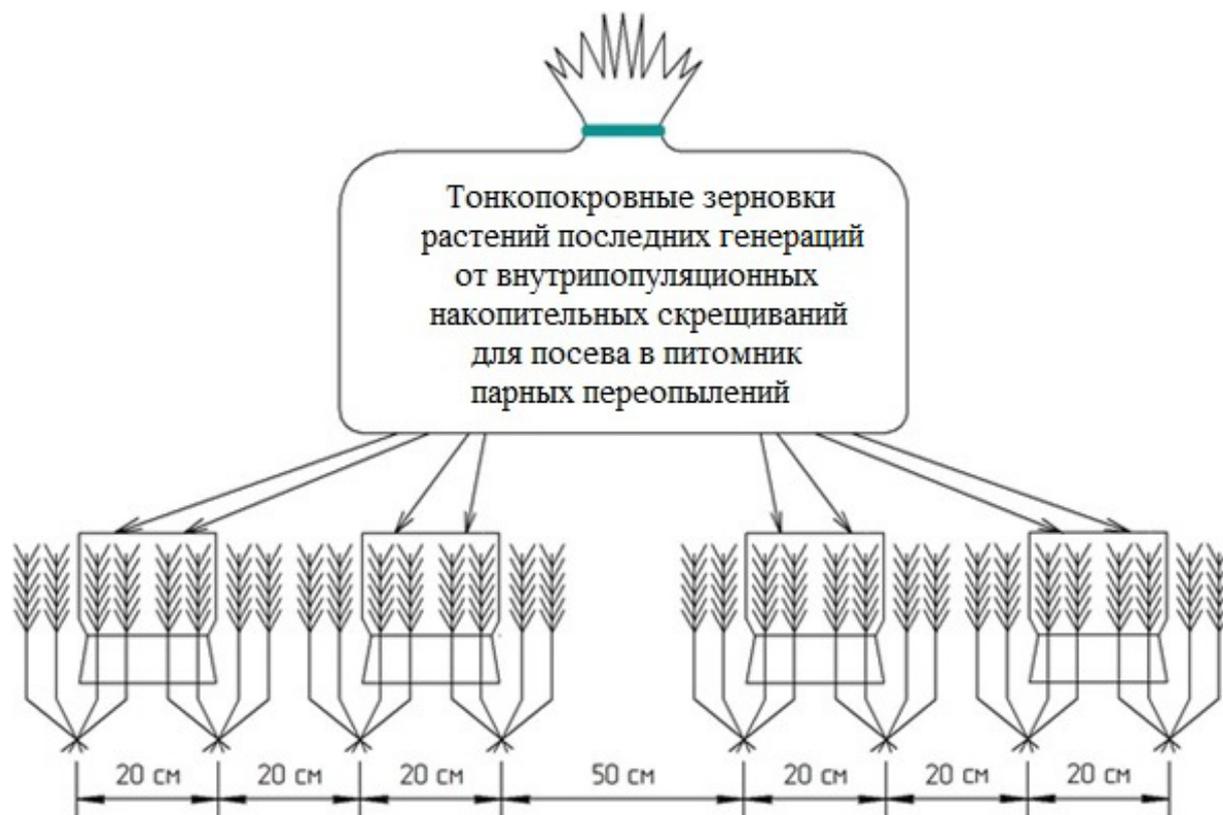
Применение парных скрещиваний с индикаторными колосьями позволяет отбирать растения, гомогенные по признаку тонкопокровности, имеющие низкое содержание ВАК в зерне. Для посева используют популяцию, в которой после многократных внутривидовых накопительных скрещиваний количество тонкопокровных зерен составляет не менее 40–50%. Экспериментальным путем установлено, что для создания полноценной по генетической структуре перекрестно опыляющейся популяции необходимо получить не менее 500 пар, состоящих только из низкопентозановых растений. Для этого нужно посеять 1400–1500 тонкопокровных зерен, что позволит получить на выходе только 10–13% гомогенных пар, нерасщепляющихся по признаку тонкопокровности. Расчетное число семян для посева в опыте по созданию одной популяции выбрано с учетом всхожести, перезимовки, а также браковки нетипичных всходов. Схема закладки питомника парных скрещиваний представлена на рисунке 2.

Такая форма размещения посева удобна для проведения попарной изоляции большого числа растений и ух-

да за посевом. Пары формируют в период колошения ржи с использованием близко стоящих друг к другу растений, подходящих по габитусу и количеству стеблей. Под общий пергаментный изолятор помещают часть колосьев от каждого растения пары таким образом, чтобы по два колоса каждого растения оставались вне изолятора для свободного опыления. С целью создания пыльцевого режима для опыления контрольных колосьев, находящихся вне изоляторов, посев необходимо размещать в селекционном питомнике для парных переопылений. После уборки и оценки завязавшихся семян по толщине покровов у контрольных колосьев оставляют для посева только те пары, у которых оба растения имели тонкопокровные зерновки.

В период первого года размножения семян отобранных пар до цветения удаляют нежелательные по агрономическим признакам растения. Впоследствии новую популяцию предсорта изучают по всем признакам, предусмотренным требованиями Госкомиссии РФ.

Таким образом, с использованием малозатратных технологий совместно с селекционными учреждениями страны за период 2016–2023 годов созданы и внесены в Государственный реестр охраняемых селекционных достижений РФ (State Register, 2023; табл. 3) первые популяционные сорта озимой ржи, характеризующиеся низким содержанием водорастворимых арабиноксиланов в зерне и высокими агрономическими признаками: ‘Вавиловская’ (к-11819), ‘Берегиня’ (к-118220), ‘Подарок’ (к-11816), ‘Янтарная’ (к-11804), ‘Красноярская универсальная’ (к-11818), ‘Новая Эра’ (к-11814) и ‘Арга’ (к-11907) (см. табл. 3).



**Рис. 2. Схема размещения растений в двухленточном посеве для парной изоляции**  
(по В.Д. Кобылянский, О.В. Солодухина, 2023)

**Fig. 2. Scheme of plant placement in double-band sowing for paired isolation**  
(according to V.D. Kobylansky, O.V. Solodukhina, 2023)

**Таблица 3. Характеристика низкопентозановых сортов озимой ржи**

(по результатам Государственной комиссии Российской Федерации по испытанию и охране селекционных достижений)

**Table 3. Characteristics of low-pentosan winter rye cultivars**

(according to the results of the State Commission of the Russian Federation for Testing and Protection of Selection Achievements)

Сорт/ Cultivar	Включение в Госреестр РФ/ Inclusion in State Register of the Russian Federation		Содержание водорастворимых пентозанов в зерне, %/ Content of water-soluble pentosans in grain, %	Урожайность, ц/га/ Yield, hwt/ha		Масса 1000 зерен, г/ 1000 grains weight, g
	год/ year	регион/ region		Средняя/ average	макси- мальная/ maximum	
‘Берегиня’	2016	Северный	0,4–0,5	25,7	42,7	25–36
‘Подарок’	2016	Волго-Вятский, Средневолжский	0,7–1, 6	32,5	64,7	24–35
‘Вавиловская’	2016	Центральный	0,5–0,6	40,9	72,5	29–38
‘Янтарная’	2018	Волго-Вятский	0,53	26,5	63,0	28–37
‘Красноярская универсальная’	2018	Восточно-Сибирский	0,5–0,8	26,7	58,2	24–25
‘Новая Эра’	2021	Северо-Западный	0,5–0,6	34,1	64,1	28–38
‘Арга’	2023	Восточно-Сибирский	0,5–0,8	24,3	72,2	21–29

Созданные сорта адаптированы для возделывания в восьми различных почвенно-климатических регионах России. По результатам Госсортокмиссии урожайность сортов не уступает рекомендуемым для каждой зоны стандартам, а в отдельных областях достигает 64–72 ц/га.

По качеству зерна низкопентозановые сорта-популяции не имеют мировых аналогов. Зерно такой ржи перестаёт быть плохо усваиваемым, что присуще сортам хлебопекарной ржи при использовании последних для кормления животных. Это открывает возможность для включения новых сортов в рацион кормов для животных без применения дорогих ферментных добавок и других способов обработки зерна. Корма на основе высокопитательного низкопентозанового зерна более охотно поедаются всеми видами сельскохозяйственных животных, легко перевариваются и усваиваются (Potapova et al., 2017). Экспериментально доказано, что в результате двухмесячного кормления поросят новым рационом, в котором зерновые культуры из стандартного рациона на 50% заменили зерном низкопентозановой ржи и при этом исключили дорогостоящие пищевые добавки (сухое молоко и премикс), получили увеличение прироста животных на 44,5% по сравнению с использованием стандартного рациона. При этом на 41,7% снизились затраты для получения привеса 1 кг поросят (Kobyliansky et al., 2017).

В Северо-Кавказском зональном научно-исследовательском ветеринарном институте получены экспериментальные данные, показывающие, что при кормлении поросят в течение месяца измельченным зерном низкопентозановой ржи прирост живой массы на одну голову был на 16% больше, чем при кормлении измельченной ячменно-пшеничной смесью (Kobyliansky et al., 2017).

Согласно проведенным исследованиям, мука низкопентозановой зернофуражной ржи по хлебопекарным свойствам не отличается от муки традиционных хлебопекарных сортов (Lavrenteva et al., 2016; Kobylyansky et al., 2018). Полученные данные подтверждают универсальность низкопентозановых сортов ржи при их использовании в зернофуражной, хлебопекарной и перерабатывающей промышленности.

## References/Литература

- Boros D. Quality aspects of rye for feed purposes. *Vortrage fur Pflanzenzuchtung*. 2007;71:80-85.
- Boros D., Lukaszewski A.J., Aniol A., Ochodzki, P. Chromosome location of genes controlling the content of dietary fibre and arabinoxylans in rye. *Euphytica*. 2002;128:1-8. DOI: 10.1023/A:1020639601959
- Boros D., Madej L., Jagodzinski J. Perspectives of selection for better nutritive quality of rye. *Plant Breeding and Seed Science*. 1997;41(2):81-89.
- Boros D., Marquardt R.R., Slominski B.A., Guenter W. Extract viscosity as an indirect assay for water-soluble pentosans content in rye. *Cereal Chemistry*. 1993;70(5):575-580. Available from: [https://www.cerealsgrains.org/publications/cc/backissues/1993/Documents/70\\_575.pdf](https://www.cerealsgrains.org/publications/cc/backissues/1993/Documents/70_575.pdf) [accessed March 13, 2024].
- Cyran M.R., Ceglinska A., Kolasinska I. Depolymerization degree of water-extractable arabinoxylans in rye bread: characteristics of inbred lines used for breeding of bread cultivars. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*. 2012;60(35):8720-8730. DOI: 10.1021/jf301573v
- Cyran M., Rakowska M., Wasilewko J., Buraczewska L. Degradation of dietary fiber polysaccharides of rye in the intestinal tract of growing pigs used as a model animal for studying digestion in humans. *Journal of Animal and Feed Sciences*. 1995;4(3):217-227. DOI: 10.22358/jafs/69795/1995
- Delcour J.A., Vanhamel S., De Geest C. Physico-chemical and functional properties of rye nonstarch polysaccharides. I. Colorimetric analysis of pentosans and their relative monosaccharide compositions in fractionated (milled) rye products. *Cereal Chemistry*. 1989;66(2):107-111. Available from: [https://www.cerealsgrains.org/publications/cc/backissues/1989/Documents/66\\_107.pdf](https://www.cerealsgrains.org/publications/cc/backissues/1989/Documents/66_107.pdf) [accessed March 13, 2024].
- Delcour J.A., Vanhamel S., Hosenev R.S. Physicochemical and functional properties of rye nonstarch polysaccharides. II. Impact of a fraction containing water-soluble pentosans and proteins on gluten-starch loaf volumes. *Cereal Chemistry*. 1991;68(1):72-76. Available from: [https://www.cerealsgrains.org/publications/cc/backissues/1991/Documents/68\\_72.pdf](https://www.cerealsgrains.org/publications/cc/backissues/1991/Documents/68_72.pdf) [accessed March 14, 2024].
- Dimenshtein F.I., Ermakov A.I., Knyaginichev M.I., Goncharenko F.I. Biochemistry of rye (Biohimiya rzhi). In: *Biochemistry of cultural plants (Biohimiya kul'turnyh rasteniy)*. 2nd ed. Moscow; Leningrad; 1958. Vol. 1. p.165-233. [in Russian] (Дименштейн Ф.И., Ермаков А.И., Княгиничев М.И., Гончаренко Ф.И. Биохимия ржи. В кн.: *Биохимия культурных растений*. 2-е изд., перераб. и доп. Москва; Ленинград; 1958. Т. 1. С.165-233).
- Flamme W., Dill P., Jansen G., Roux S. Developing rye germplasm for alternative use: Quality assessment methods and progress from selection. *Beiträge zur Züchtungsforschung*. 1996;35:129-138.
- Gilmullina L.F., Ponomareva M.L., Ponomarev S.N., Mannapova G.S. Methods of quantitative and qualitative determination of arabinoxylans in cereals (review). *Khimija rastitel'nogo syr'ja = Chemistry of plant raw material*. 2021;(1):27-43. [in Russian] (Гильмуллина Л.Ф., Пономарева М.Л., Пономарев С.Н., Маннапова Г.С. Методы качественного и количественного определения арабиноксиланов в зерне злаков (обзор). *Химия растительного сырья*. 2021;(1):27-43). DOI: 10.14258/jcrpm.2021017713
- Goncharenko A.A., Ermakov S.A., Makarov A.V., Semenova T.V., Tochilin V.N., Osipova A.V., Lazareva E.N., Krakhmaleva O.V. Winter rye breeding on high and low water extract viscosity. *Grain Economy Russia* 2015;(4):21-27. [in Russian] (Гончаренко А.А., Ермаков С.А., Макаров А.В., Семенова Т.В., Тоцилин В.Н., Осипова А.В., Лазарева Е.Н., Крахмалева О.А. Селекция озимой ржи на высокую и низкую вязкость водного экстракта. *Зерновое хозяйство России*. 2015;(4):21-27).
- Goncharenko A.A., Ermakov S.A., Makarov A.V., Semenova T.V., Tochilin V.N., Osipova A.V., Lazareva E.N., Krakhmaleva O.A., Jashina N.A. Multiple divergent selection on viscosity of water extract of winter rye. *Russian agricultural sciences*. 2016;42(5):289-294. DOI: 10.3103/S1068367416050074
- Goncharenko A.A., Osipova A.V., Jashina N.A., Kondratieva O.P., Scherbakova Z.N. Evaluation of quality attributes of winter rye grain with different extract viscosity (Otsenka priznakov kachestva zerna ozimoy rzhi s razlichnoy vyazkost'yu vodnogo ekstrakta). *Khleboprodukt = Bakery products*. 2017;(11):54-57 [in Russian] (Гончаренко А.А., Осипова А.В., Яшина Н.А., Кондратьева О.П., Щербакова З.Н. Оценка признаков качества зерна озимой ржи с различной вязкостью водного экстракта. *Хлебопродукты*. 2017;(11):54-57).
- Goncharenko A.A., Timoschenko A.S., Berkutova N.S. Viscosity of grain water extract in winter rye as universal parameter during breeding on principal use. *Agricultural Biology*. 2007;42(3):44-49. [in Russian] (Гончаренко А.А., Тимощенко А.С., Беркутова Н.С. Вязкость водного экстракта зерна озимой ржи как универсальный признак при селекции на целевое использование. *Сельскохозяйственная биология*.

- 2007;42(3):44-49).
- Ibragimova Z.A., Kuluev B.R. Molecular basis of food and feed qualities of rye (*Secale cereale*) grain. *Biomics*. 2020;12(1):8-26. [in Russian] (Ибрагимова З.А., Кулуев Б.Р. Молекулярные основы пищевых и кормовых качеств зерна ржи (*Secale cereale*). *Биомика*. 2020;12(1):8-26). DOI: 10.31301/2221-6197.bmcs.2020-2
- Ismagilov R.R., Akhiyarova L.M. Fodder qualities of winter rye grain (Kormovye kachestva zerna ozimoy rzhi). Ufa: Gilem; 2012. [in Russian] (Исмагилов Р.Р. Ахиярова Л.М. Кормовые качества зерна озимой ржи Уфа: Гилем; 2012).
- Ismagilov R.R., Gaysina L.F. The baking qualities of grain hybrids of winter rye. *Achievements of Science and Technology of AIC*. 2015;29(1):24-26. [in Russian] (Исмагилов Р.Р., Гайсина Л.Ф. Хлебопекарные качества зерна гибридов F<sub>1</sub> озимой ржи. *Достижения науки и техники АПК*. 2015;29(1):24-26).
- Ismagilov R.R., Alimgafarov R.R., Savina A.A. The use enzyme preparations is an effective method for reducing pentosans in winter rye grain. *Achievements of Science and Technology of AIC*. 2023a;37(1):46-50. [in Russian] (Исмагилов Р.Р., Алимгафаров Р.Р., Савина А.А. Применение ферментных препаратов – эффективный приём снижения содержания пентозанов в зерне озимой ржи. *Достижения науки и техники АПК*. 2023a;37(1):46-50). DOI: 10.53859/02352451\_2023\_37\_1\_46
- Ismagilov R.R., Maluyutina K.V., Alimgafarov R.R., Kayumova R.R. Prospects for the use and methods of reducing arabinoxylans of winter rye feed grain. *Vestnik of the Bashkir State Agrarian University*. 2023b;1(65):26-32. [in Russian] (Исмагилов Р.Р., Малютин К.В., Алимгафаров Р.Р., Каюмова Р.Р. Перспективы использования и приемы снижения арабиноксиланов кормового зерна. *Вестник Башкирского государственного аграрного университета*. 2023b;1(65):26-32). DOI: 10.31563/1684-7628-2023-65-1-26-32
- Ismagilov R.R., Vanushina T.N., Ayupov D.S. Rye pentosans (Pentozany rzhly). R.R. Ismagilov (ed.). Ufa: Bashkir State Agrarian University; 2006. [in Russian] (Исмагилов Р.Р., Ванюшина Т.Н., Аюпов Д.С. Пентозаны ржи / под ред. Р.Р. Исмагилова. Уфа: Башкирский ГАУ; 2006).
- Jürgens H.-U., Jansen G., Wegener C.B. Characterization of several rye cultivars with respect to arabinoxylans and extract viscosity. *Journal of Agricultural Science*. 2012;4(5):1-12. DOI: 10.5539/jas.v4n5p1
- Kobylianskii V.D., Solodukhina O.V. Use of donors of valuable traits of plants in breeding of new varieties of winter rye. *Achievements of Science and Technology of AIC*. 2015;29(7):7-12. [in Russian] (Кобылянский В.Д., Солодухина О.В. Использование доноров ценных признаков растений в селекции новых сортов озимой ржи. *Достижение науки и техники АПК*. 2015;29(7):7-12).
- Kobylianskii V.D., Solodukhina O.V., Lunegova I.V., Novikova S.P., Hloruyuk M.S., Makarov V.I. Rye breeding for low-pentosans and possibility of its use in animal feeding. *Proceedings on Applied Botany, Genetics and Breeding*. 2017;178(1):31-40. [in Russian] (Кобылянский В.Д., Солодухина О.В., Лунегова И.В., Новикова С.П., Хлорчук М.С., Макаров В.И. Создание низкопентозановой ржи и возможности ее использования на корм животным. *Труды по прикладной ботанике, генетике и селекции*. 2017;178(1):31-40). DOI: DOI: 10.30901/2227-8834-2017-1-31-40
- Kobylyansky V.D. Rye. Genetic bases of breeding (Rozh'. Geneticheskiye osnovy selektsii). Moscow: Kolos; 1982. [in Russian] (Кобылянский В.Д. Рожь. Генетические основы селекции. Москва: Колос; 1982).
- Kobylyansky V.D., Solodukhina O.V. Basis of low pentozan rye breeding. *Proceedings on Applied Botany, Genetics and Breeding*. 2009;166:112-118. [in Russian] (Кобылянский В.Д., Солодухина О.В. Основы селекции малопентозановой ржи. *Труды по прикладной ботанике, генетике и селекции*. 2009;166:112-118).
- Kobylyansky V.D., Solodukhina O.V. Theoretical basis of grain fodder rye breeding for low water soluble pentosans. *Agricultural Biology*. 2013;48(2):31-39. [in Russian] (Кобылянский В.Д., Солодухина О.В. Теоретические основы селекции зернофуражной ржи с низким содержанием водорастворимых пентозанов. *Сельскохозяйственная биология*. 2013;48(2):31-39).
- Kobylyansky V.D., Solodukhina O.V. Breeding and seed production technology for the rye of universal use with low content of water-soluble pentosans in grain. I.G. Lockutov (ed). St. Petersburg: VIR; 2023. [in Russian] (Кобылянский В.Д., Солодухина О.В.; под научной редакцией И.Г. Лоскутова. Технология селекции и семеноводства ржи универсального использования с низким содержанием водорастворимых пентозанов в зерне. Санкт-Петербург: ВИР; 2023). DOI: 10.30901/978-5-907145-57-3
- Kobylyansky V.D., Solodukhina O.V., Kuznetsova L.I., Lavrenteva N.S., Timina M.A. Prospects of low pentosane grain fodder rye use for baking purposes. *Rossiiskaia selskokhoziaistvennaia nauka = Russian Agricultural Science*. 2018;(6):3-5. [in Russian] (Кобылянский В.Д., Солодухина О.В., Кузнецова Л.И., Лаврентьева Н.С., Тимина М.А. Перспективы использования низкопентозановой ржи для хлебопекарных целей. *Российская сельскохозяйственная наука*. 2018;(6):3-5). DOI: 10.31857/S250026270001823-0
- Kobylyansky V.D., Solodukhina O.V., Nikonorova I.M. Morphological features of rye grain with low pentosan content. *Proceedings on Applied Botany, Genetics and Breeding*. 2021;182(2):123-130. [in Russian] (Кобылянский В.Д., Солодухина О.В., Никонорова И.М. Морфологические особенности низкопентозанового зерна ржи. *Труды по прикладной ботанике, генетике и селекции*. 2021;182(2):123-130). DOI: 10.30901/2227-8834-2021-2-123-130
- Kolasińska I., Boros D., Madej L., Cygankiewicz A. Quantitative characteristic of rye inbred lines. *Plant Breeding and Seed Science*. 2003;48(2-2):127-131. Available from: [https://www.researchgate.net/publication/308723143\\_QUALITATIVE\\_CHARACTERISTICS\\_OF\\_RYE\\_INBRED\\_LINES](https://www.researchgate.net/publication/308723143_QUALITATIVE_CHARACTERISTICS_OF_RYE_INBRED_LINES) [accessed March 14, 2024].
- Korzun V., Börner A., Melz G. RFLP mapping of the dwarfing (*Ddw1*) and hairy peduncle (*Hp*) genes on chromosome 5 of rye (*Secale cereale* L.). *Theoretical and Applied Genetics*. 1996;92(8):1073-1077. DOI: 10.1007/BF00224051
- Kozlova L.V., Nazipova A.R., Gorshkov O.V., Gilmullina L.F., Sautkina O.V., Petrova N.V. Identification of genes involved in the formation of soluble dietary fiber in winter rye grain and their expression in cultivars with different viscosities of wholemeal water extract. *The Crop Journal*. 2022;10(2):532-549. DOI: 10.1016/j.cj.2021.05.008
- Kretovich V.L., Petrova I.S. Rye grain mucus and its technological significance. (Slizi rzhanogo zerna i ikh tekhnologicheskoe znachenie). *Biokhimiya zerna = Grain Biochemistry*. 1951;13(1):145-159. [in Russian] (Кретович В.Л., Петрова И.С. Слизи ржаного зерна и их технологическое значение. *Биохимия зерна*. 1951;13(1):145-159).
- Lavrenteva N.S., Kuznetsova L.I., Kobylyansky V.D., Zhirnova E.V. Baking properties of the rye flour with a low content of water-soluble pentosans. *Bakery of Russia*. 2016;6:32-34. [in Russian] (Лаврентьева Н.С., Кузнецова Л.И., Кобылянский В.Д., Жирнова Е.В. Хлебопекарные свойства муки из зерна ржи с низким содержанием водорастворимых пентозанов. *Хлебопечение России*. 2016;6:32-34).
- Madej L., Raczynska-Bojanowska K., Rybka K. Variability of the content of soluble noningestible polysaccharides in rye inbred lines. *Plant Breeding*. 1990;104:334-339. DOI: 10.1111/j.1439-0523.1990.tb00444.x
- Ponomareva M.L., Ponomarev S.N. Optimization of grain quality parameters for winter rye breeding. *Vavilov Journal of Genetics and Breeding*. 2019;23(3):320-327. [in Russian] (Пономарева М.Л., Пономарев С.Н. Оптимизация параметров качества зерна для селекции озимой ржи. *Вавиловский журнал генетики и селекции*. 2019;23(3):320-327). DOI:10.18699/VJ19.496
- Ponomareva M.L., Ponomarev S.N., Gilmullina L.F., Mannapova G.S. Phenotypic assessment of the content of pentosans in rye meal by the method of determining the viscosity of an aqueous extract. *Achievements of Science and Technology of AIC*. 2015;29(11):32-35. [in Russian] (Пономарева М.Л., Пономарев С.Н.,

- Гильмуллина Л.Ф., Маннапова Г.С. Фенотипическая оценка содержания пентозанов в ржаном шроте методом определения вязкости водного экстракта. *Достижения науки и техники АПК*. 2015;29(11):32-35).
- Ponomareva M.L., Ponomarev S.N., Tagirov M.Sh., Gilmullina L.F., Mannapova G.S. Pentosan content genotypic variability in winter rye grain. *Agricultural biology*. 2017;52(5):1041-1048. [in Russian] (Пономарева М.Л., Пономарев С.Н., Тагиров М.Ш., Гильмуллина Л.Ф., Маннапова Г.С. Генотипическая изменчивость содержания пентозанов в зерне озимой ржи. *Сельскохозяйственная биология*. 2017;52(5):1041-1048). DOI: 10.15389/agrobiology.2017.5.1041eng
- Potapova G.V., Tkachenko I.V., Galimov K.A. New grain fodder cultivar of winter rye Yantarnaya (Novyi zernofurazhnyi sort ozimoy rzhi Yantarnaya). *Teoriya i praktika mirovoy nauki = Theory and practice of world science*. 2017;10:66-69. [in Russian] (Потапова Г.В., Ткаченко И.В., Галимов К.А. Новый зернофуражный сорт озимой ржи Яantarная. *Теория и практика мировой науки*. 2017;10: 66-69).
- Sitnikov V.A., Popov A.N., Morozkov N.A., Nikolaev S.U. Changes in the composition of rye grain as a result of moisture-thermal treatments (Izmeneniya sostava zerna rzhi v rezultate vlagoteplovykh obrabotok). *Perm Agrarian Journal*. 2013;2(2):43-45. [in Russian] (Ситников В.А., Попов А.Н., Морозков Н.А., Николаев С.Ю. Изменения состава зерна ржи в результате влаготепловых обработок. *Пермский аграрный вестник*. 2013;2(2):43-45).
- State Register for Selection Achievements Admitted for Usage (National List). Vol. 1 "Plant varieties" (official publication). Moscow: Ministry of Agriculture of Russia; Federal State Budgetary Institution "Gossortkomissiya"; 2023. [in Russian] (Государственный реестр селекционных достижений, допущенных к использованию. Т. 1 «Сорта растений» (официальное издание). Москва: Министерство сельского хозяйства России; ФГБНУ «Госсорткомиссия»; 2023).
- Zaikina E.A., Kayumova R.R., Kuluev A.R., Ismagilov R.R., Kuluev B.R. Analysis of nucleotide sequences of the GT47 glycosyltransferase gene in rye cultivars differing in the content of water-soluble pentosans in grain. *Proceedings on Applied Botany, Genetics and Breeding*. 2023;184(2):112-119. [in Russian] (Заикина Е.А., Каюмова Р.Р., Кулуев А.Р., Исмагилов Р.Р., Кулуев Б.Р. Анализ нуклеотидных последовательностей гена гликозилтрансферазы GT47 у сортов ржи, различающихся по содержанию водорастворимых пентозанов в зерне. *Труды по прикладной ботанике, генетике и селекции*. 2023;184(2):112-119). DOI:10.30901/2227-8834-2023-2-112-119
- Volynkina M. The effectiveness of the use of enzyme preparations in the diets of dairy cows (Effektivnost' ispol'zovaniya fermentnykh preparatov v ratsionakh molochnykh korov). *Head of Animal Breeding*. 2011;(9):30-33. [in Russian] (Волынкина М. Эффективность использования ферментных препаратов в рационах молочных коров. *Главный зоотехник*. 2011;(9):30-33).
- Winter rye. Cultivation, use for food, feed and technical purposes. Problems and solutions (Ozimaya rozh. Vozdelyvanie, ispolzovanie na pishchevye, kormovye i tekhnicheskie tseli. Problemy i resheniya). Moscow: Rosinformagrotekh; 2007. [in Russian]. (Озимая рожь. Возделывание, использование на пищевые, кормовые и технические цели. Проблемы и решения. Москва: Росинформагротех; 2007).

### **Информация об авторах**

**Ольга Владимировна Солодухина**, доктор биологических наук, ведущий научный сотрудник, отдел генетики, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н. И. Вавилова (ВИР), Россия, 190031 Санкт-Петербург, ул. Большая Морская, 42, 44, osolodukhina@yandex.ru, <https://orcid.org/0000-0003-3117-6693>.

### **Information about the authors**

**Olga V. Solodukhina**, Dr. Sci. (Biology) Leading Researcher, Department of Genetics, N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources, 42, 44, Bolshaya Morskaya Street, St. Petersburg, 190031 Russia, osolodukhina@yandex.ru, <https://orcid.org/0000-0003-3117-6693>

**Вклад авторов:** автор сделал самостоятельный вклад в подготовку публикации.

**Contribution of the authors:** the author contributed to this article all alone.

**Конфликт интересов:** автор заявляет об отсутствии конфликта интересов.

**Conflict of interests:** the author declares no conflict of interests.

Статья поступила в редакцию 19.04.2024; одобрена после рецензирования 07.05.2024; принята к публикации 27.05.2024.

The article was submitted on 19.04.2024; approved after reviewing on 07.05.2024; accepted for publication on 27.05.2024.

Научная статья

УДК 635.33:575.22:575.857

DOI: 10.30901/2658-6266-2024-2-08



## Изучение генетического разнообразия образцов *Brassica rapa* L. коллекции ВИР на основе анализа полиморфизма ДНК в микросателлитных локусах

**Ф. А. Беренсен**

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

*Автор, ответственный за переписку:* Федор Алексеевич Беренсен, f.berensen@vir.nw.ru

Вид *Brassica rapa* L. включает в себя листовые и корнеплодные культуры, выращиваемые во многих странах мира. Уточнение генетических взаимосвязей и структуры популяции позволяет точнее подбирать формы для дальнейшей селекции с использованием генетически отличимых форм. Коллекция *B. rapa* собранная в ВИР, состоит из 1750 образцов, представляющих различные подвиды и страны происхождения, и является хорошим инструментом для изучения многообразия культурных форм с использованием молекулярно-генетических методов. Целью исследования было провести оценку генетического разнообразия образцов коллекции *B. rapa* и уточнить внутривидовые взаимоотношения при помощи молекулярных маркеров. Молекулярный скрининг 80 образцов с использованием 16 микросателлитных маркеров выявил аллели размером от 85 до 460 пн при среднем 7,8 числе аллелей на локус. Средний показатель индекса информационного полиморфизма (PIC) составил 0,278, а показатель ожидаемой гетерозиготности (H) в среднем составил 0,35. Идентифицированы редкие и уникальные аллели для образцов пекинской капусты (к-63 и к-108), образцов японских листовых овощей (к-217 и к-335) и репы (к-738). Выявлены аллели локусов BRMS-007 (123 пн) и BRMS-034 (136 пн) характерные только для образцов репы, сурепицы и сарсонов. Проведён анализ *in silico* пар праймеров для уточнения размеров ожидаемых фрагментов согласно референсному геному *CAAS\_Brap\_v3.01* линии пекинской капусты Chiifu-401-42. Филогенетический анализ проводили с использованием программы STRUCTURE, что привело к распределению образцов на четыре кластера, согласно ботанической классификации: пекинская капуста; китайская и розеточная капуста; японские листовые овощи, ноздреватая, пурпурная, японская капуста и гибридные формы; образцы репы и сурепицы.

**Ключевые слова:** филогенетический анализ, SSR-маркеры, капуста, репа, сурепица**Благодарности:** Работа выполнена при частичной поддержке государственного задания по темам № FGEM-2022-0003 и № FGEM-2022-0008.**Для цитирования:** Беренсен Ф.А. Изучение генетического разнообразия образцов *Brassica rapa* L. коллекции ВИР на основе анализа полиморфизма ДНК в микросателлитных локусах. *Биотехнология и селекция растений*. 2024;7(2):53-66. DOI: 10.30901/2658-6266-2024-2-08**Прозрачность финансовой деятельности:** Автор не имеет финансовой заинтересованности в представленных материалах или методах. Автор благодарит рецензентов за их вклад в экспертную оценку этой работы. Мнение журнала нейтрально к изложенным материалам, автору и его месту работы.

© Беренсен Ф.А., 2024

## Original article

DOI: 10.30901/2658-6266-2024-2-o8

## A study of genetic diversity of *Brassica rapa* L. accessions from the VIR collection by analyzing DNA polymorphism in microsatellite loci

Fedor A. Berensen

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

**Corresponding author:** Fedor A. Berensen, f.berensen@vir.nw.ru

The species *Brassica rapa* L. includes leafy and root crops grown in many countries of the world. Clarification of genetic relationships and population structure allows for a more accurate parental line selection for further breeding using genetically distinct forms. The *B. rapa* collection maintained at VIR contains 1750 accessions representing different subspecies and countries of origin, and it is a good tool for studying the diversity of cultivated forms using molecular genetic methods. The aim of the study was to investigate the genetic diversity and clarify the relationships within the *B. rapa* species using molecular markers. Molecular screening of 80 accessions using 16 microsatellite markers revealed alleles ranging in size from 85 to 460 bp with an average of 7.8 alleles per locus. The average polymorphic index content (PIC) was 0.278, and the expected heterozygosity (H) averaged was 0.35. Rare and unique alleles were identified for Beijing cabbage (k-63 and k-108), Japanese leafy vegetables (k-217 and k-335) and turnip (k-738) samples. Alleles of SSR loci BRMS-007 (123 bp) and BRMS-034 (136 bp) were identified, which are characteristic only of accessions of turnips, rapeseed and sarsons. *In silico* analysis of primer pairs was performed to clarify the sizes of expected fragments relative to the reference genome CAAS\_Brap\_v3.01 of Chinese cabbage line Chiifu-401-42. Phylogenetic analysis was performed using the STRUCTURE program and resulted in the distribution of accessions into four clusters according to botanical classification: Chinese cabbage; pakchoi, tatsoi; Japanese leafy vegetables, wutacai, tsoisum, mizuna and mibuna (kyona) and hybrid forms; turnip and rape accessions.

**Keywords:** phylogenetic analysis, SSR markers, cabbage, turnip, rape

**Acknowledgments:** The work was carried out with partial support from the state assignment on topics No. FGEM-2022-0003 and No. FGEM-2022-0008.

**For citation:** Berensen F.A. A study of genetic diversity of *Brassica rapa* L. accessions from the VIR collection by analyzing DNA polymorphism in microsatellite loci. *Plant Biotechnology and Breeding*. 2024;7(2):53-66. (In Russ.). DOI: 10.30901/2658-6266-2024-2-o8

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

© Berensen F.A., 2024

## Введение

*Brassica rapa* L. (2n=20, геном AA) – первый domestцированный вид рода *Brassica*, произошедший от *Brassica oleracea* L. (2n=18, геном CC) (Gomez-Campo, Prakash, 1999). В него входят различные экономически важные культуры. Особой ценностью вида является его скороспелость, продуктивность и ценный биохимический состав. Вид *B. rapa* включает в себя различные по цели выращивания культуры: овощные, масличные, кормовые, пряно-вкусовые и декоративные, которые подразделяют на листовые и корнеплодные формы.

Первоначально центром происхождения вида *B. rapa* постулировали Средиземноморье, откуда вид распространился на север и восток – в Германию и центральную Европу и, в конечном счёте, в Азию. Попутно, при возделывании, развились различные местные формы. Капуста попала в Китай через Монголию, а в Японию была завезена либо через Китай, либо через Сибирь (Dixon, Wells, 2024). Листовые формы с древних времён традиционно возделывают на территории Китая, Японии и Кореи, где они до сих пор имеют лидирующие позиции среди овощных культур.

Подвиды листовых культур восточноазиатских капуст *B. rapa* включают в себя китайскую капусту или пак-чой (*ssp. chinensis* (L.) Hanelt), пекинскую (*ssp. pekinensis* (Lour.) Hanelt), ноздреватую (*var. narinosa* (Bailey) Hanelt), пурпурную (*var. purpuraria* (Bailey) Bailey), розеточную (*var. rosularis* (Tsen & Lee) Hanelt), японскую (*ssp. nipposinica* (Bailey) Hanelt), листовую репу комацуна (*ssp. rapa* L. f. komatsuna). Корнеплодные формы, репу и турнепс, относят к подвиду *ssp. rapa* L. Сурепицы (*ssp. oleifera* (DC.) Metzger) разделяют на яровые (f. *annua*) и озимые (f. *biennis*), а сарсоны подразделяют на коричневые (*ssp. dichotoma* (Roxb.) Hanelt) и жёлтые (*ssp. trilocularis* (Roxb.) Hanelt) (Qi et al., 2017).

Первые работы по изучению представителей видов *Brassica* с использованием молекулярных маркеров появились в конце XX века (Landry et al., 1992; Kresovich et al., 1995). Микросателлитные или SSR-маркеры, основаны на уникальных последовательностях ДНК, фланкирующих короткие, преимущественно ди- и тринуклеотидные повторы. Данный тип маркеров имеет наибольший потенциал для исследований в области эволюционной и популяционной генетики, а также для изучения генетических коллекций, за счёт их высокого уровня полиморфизма, экономичности, простоты постановки эксперимента и воспроизводимости результатов в различных лабораториях. Эффективность SSR-маркеров была показана в исследованиях на различных культурах, в частности, на различных видах рода *Brassica*. Первые SSR-маркеры для генетических исследований видов *Brassica* были разработаны в начале XXI века (Lowe et al., 2002; Suwabe et al., 2002; Plieske, Struss, 2001).

В 2002 году были выделены микросателлиты у *B. rapa* (Suwabe et al., 2002). Всего в работе были получены специ-

фические пары праймеров для 36 полиморфных микросателлитных локусов, названные семейством BRMS. Исследователями было идентифицировано 232 аллеля у 19 сортов *B. rapa* (Suwabe et al., 2002). В дальнейшем этой группой исследователей было продолжено изучение характеристик микросателлитов генома *B. rapa* в целях их использования для сравнительной геномики крестоцветных (Suwabe et al., 2004). В 2004 году проведено исследование по разработке микросателлитов для построения генетических карт и селекции с помощью маркеров в культурах рода *Brassica* (Lowe et al., 2004). Создан набор из 398 маркеров на основе простых микросателлитных последовательностей для использования в генетических исследованиях четырёх видов *Brassica* (*B. nigra*, *B. oleracea*, *B. rapa* и *B. napus*). SSR полиморфные маркеры в количестве 86 были разбиты на группы, префиксы которых соответствовали определённым видам: Ni – *B. nigra*, Ol – *B. oleracea*, Ra – *B. rapa*, и Na – *B. napus*. Однако авторы обращают внимание на то, что ряд маркеров был полиморфен более чем у одного изученного вида. В другом исследовании SSR-маркеры использовали для оценки взаимосвязей между экономически важными листовыми видами *Brassica* (Celucia et al., 2009). Используя 54 SSR-маркера и выборку из 94 образцов в результате скрининга и последующего филогенетического анализа была подтверждена тесная генетическая связь между подвидами *B. rapa ssp. chinensis* и *ssp. parachinensis*, а образцы *B. oleracea* сгруппировались в отдельный кластер. Микросателлитные маркеры успешно используют для классификации образцов *B. rapa*. В исследовании (Kubo et al., 2019a) была проведена филогенетическая классификация выборки из 50 образцов различных представителей вида *B. rapa*, а именно: броколетто, репа кочанная, листовая китайская капуста, японские образцы типа «nabana». Для этого в предыдущих исследованиях использовали восемь SSR-маркеров, разработанных для китайской капусты (Suwabe et al., 2002; 2006). По результатам микросателлитного скрининга было построено филогенетическое древо, которое разделило образцы на четыре группы по происхождению и по потребляемым в пищу органам. В целом, маркеры SSR и ISSR используются для изучения генетического разнообразия видов *Brassica* (Cui et al., 2008; Thakur et al., 2021), коллекционных и местных образцов *B. rapa* (Chen et al., 2017; 2020).

Для идентификации аллелей микросателлитных маркеров применяют капиллярный электрофорез, а также используют электрофорез в концентрированном агарозном геле для более точного разделения мелких фрагментов. Работы, проведённые на культурах *Triticum aestivum* L., *Brassica juncea* L. Czern. & Coss и *Vigna radiata* L. Wilczek подтверждают возможность идентификации ожидаемых фрагментов SSR-локусов и оценки полиморфизма аллельных вариантов при применении метода разделения ПЦП-продуктов в концентрированном 3,5% агарозном геле (Mekonnen et al., 2019; Singh et al., 2022; Saini et al., 2024). Данный метод был успешно

использован при проведении молекулярно-филогенетических исследований образцов рода *Brassica* – *B. juncea* и *B. oleracea* с применением SSR-маркеров семейств BRMS-, Na-, Ol-, KS- (Singh et al., 2017; Fateev, Artemyeva, 2020; Singh et al., 2022), использованных в данном исследовании.

Для уточнения филогенетических отношений используют не только микросателлитные, но и другие молекулярные маркеры, например маркеры амплифицированных областей с охарактеризованной нуклеотидной последовательностью (SCAR). Ранее 14 SCAR-маркеров были использованы для изучения 77 образцов шести культурных видов *Brassica*, и образцов семи диких видов *Brassica*, для проверки возможности амплификации этих маркеров у разных видов (Pankin, Khavkin, 2011). В работе показана возможность использования данного типа маркеров для идентификации видов, в частности видов с В-геномом и их природных гибридов.

Линия пекинской капусты Chiifu-401-42 была первым представителем диплоидного вида рода *Brassica*, для которого в 2011 году было проведено полное секвенирование генома (Wang et al., 2011). На данный момент актуальной является сборка референсного генома CAAS\_Brap\_v3.01, представленная в базе данных NCBI.

Мировая коллекция отдела генетических ресурсов растений овощных и бахчевых культур Всероссийского института генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова (ВИР) на 2024 год содержит 1750 образцов *B. rapa* и 353 образца масличных культур различного селекционного статуса. Сформированная на основе мировой коллекции ВИР стержневая коллекция отражает широкое ботаническое разнообразие вида

*B. rapa*. Использование стержневой коллекции для изучения генетического разнообразия и выявления дешёвых, удобных маркерных систем с целью идентификации отдельных подвидов или сортоформ является перспективным направлением работы с коллекционным материалом, собранным в ВИР.

Основной целью данного исследования было изучение генетического разнообразия образцов *B. rapa* стержневой коллекции ВИР при помощи молекулярно-генетических маркеров. В задачи входило: выделение ДНК, подбор полиморфных молекулярных маркеров, проведение скрининга образцов коллекции, филогенетический анализ.

## Материалы и методы

Растительным материалом для проведения исследования послужили 73 образца стержневой коллекции вида *Brassica rapa* L. из мировой коллекции ВИР. Выборку дополнили пять образцов репы из Японии и Китая, образец пекинской капусты к-308 из Южной Кореи и образец китайской капусты к-116 Тайсай из Испании, ранее не входившими в стержневую коллекцию (табл. 1). В выборку вошли представители листовых культур из Китая, Канады, Кореи, России, Японии и стран Средней Азии. Корнеплодные репы представлены образцами селекции Дании, Нидерландов, России, Китая, Украины и Японии. Образцы сурепиц, яровой, озимой и лесной дикой, а также жёлтых и коричневых сарсонов, в данном исследовании происходят из Индии, Испании, Китая, Перу, Туниса и Швеции.

**Таблица 1. Список образцов коллекции вида *Brassica rapa* L. из мировой коллекции ВИР**

**Table 1. List of accessions from the collection of *Brassica rapa* L. species in the VIR global collection**

№	Номер в каталоге ВИР/ VIR catalogue number	Название образца/ Accession name	Происхождение/ Origin	Сортоформ/ Cultivar type	Подвид, разновидность/ Subspecies, variety
1	к-372	‘Bansei Mana’	Япония	Мана	Японские листовые овощи
2	к-98	‘Osaka Market’	Япония	Сирона	
3	к-217	‘Okute Osaka Shirona’	Япония	Сирона	
4	к-100	‘Hikoshima spring’	Япония	Чиримен	
5	к-335	‘Hiroshimana’	Япония	Хирошимана	
6	к-238	‘Nagoya Market’	Япония	Нагасаки	
7	к-53	‘Местный’	Казахстан	Сяо	ssp. <i>pekinensis</i> (Lour.) Hanelt (пекинская)
8	к-74	‘Сяобайкоу’	Китай	Сяо	
9	к-89	‘Доу-образная раннеспелая’	Китай	Сяо	
10	к-58	‘Би-це’	Киргизия	Шантунг	
11	к-210	‘Kariba Cento’	Япония	Шантунг	
12	к-108	‘Местный’	Китай	Шантунг	
13	к-132	‘Kasin’	Япония	Касин	
14	к-247	‘Хасинбечу’	Ю.Корея	Касин	

№	Номер в каталоге ВИР/ VIR catalogue number	Название образца/ Accession name	Происхождение/ Origin	Сортотип/ Cultivar type	Подвид, разновидность/ Subspecies, variety	
15	к-122	‘Лен-син-дзон’	Китай	Чосен	ssp. <i>pekinensis</i> (Lour.) Hanelt (пекинская)	
16	к-207	‘Chosen’	Япония	Чосен		
17	к-63	‘Местный’	Китай	Аити		
18	к-131	‘Aichi’	Япония	Аити		
19	к-111	‘Nozaki Early’	Япония	Нозаки		
20	к-327	‘Nozaki Harumaki’	Япония	Нозаки		
21	к-103	‘Kaga’	Япония	Кага		
22	к-88	‘Цзюй-син-бао-тоу-бай- цай’	Китай	Кага		
23	к-127	‘Hotoren’	Япония	Хоторен		
24	к-110	‘Matsushima №2’	Япония	Чи-фу		
25	к-222	‘Kensin’	Япония	Кенсин		
26	к-164	‘Michihli’	Канада	Гранат		
27	к-71	‘Хэ-тоу-вень’	Китай	Гранат		
28	к-56	‘Да-цин-коу’	Китай	Да-цин-коу		
29	к-128	‘Цужита’	Япония	Да-цин-коу		
30	к-198	‘Местный’	Китай	Да-цин-коу		
31	к-139	‘Дунганская’	Казахстан	Дунганская		
32	к-308	Naesuhbaekno-baechu	Ю. Корея			
33	к-96	Шантай	Китай			Стабильные гибриды между подвидами
34	к-302	Тохоку F1 Гуриин Дэ бюу	Япония			
35	к-331	White Long Petiole	Япония			
36	к-436	Benri-Na (Benrina)	Япония			
37	к-75	‘Пиорбай’	Китай	Пиорбай		ssp. <i>chinensis</i> (L.) Hanelt (китайская)
38	к-77	‘Сьюсман’	Китай	Сьюсман		
39	вр. к-930	‘Майская 8’	Китай	Сьюсман		
40	к-46	‘Тай-на’ (Салат японский)	Россия	Тайсай		
41	к-106	‘Янцай’	Китай	Тайсай		
42	к-214	‘Nisanme Jukijiro Taisai’	Япония	Тайсай		
43	к-195	‘Местный’	Китай	Ю-тсай (var. <i>Utilis</i> )		
44	к-203	‘Ching Pamg Yu Tsai’	Китай	Ю-тсай (var. <i>Utilis</i> )		
45	к-116	‘Taisai’	Испания	Тайсай		
46	к-84	‘Хэ-ю-га-цай’	Китай	Та-гу-цай		
47	к-129	‘Та-гу-цай’	Китай	Та-гу-цай		
48	к-154	‘Chrysanthemum heart’	Китай	Хризантениум	var. <i>narinosa</i> (Bailey) Hanelt (ноздреватая)	
49	к-213	‘Bitamin Na’	Япония	Хризантениум		
50	к-391	Xing Yang	Китай		var. <i>purpuraria</i> Bailey (пурпурная)	
51	к-115	‘Mibuna’	Япония	Мибуна	ssp. <i>nipposinica</i> (Bailey) Hanelt (японская)	
52	к-159	‘Mizuna’	Япония	Мизуна		
53	к-241	‘Shiroguki Kyona’	Япония	Мизуна		
54	к-215	‘Uzuki Komatsuna’	Япония	Комацуна	ssp. <i>rapa</i> L. f. <i>komatsuna</i> (листовая репа)	
55	к-242	‘Goseki Late’	Япония	Комацуна		
56	к-264	‘Kuroha’	Япония	Куроха		
57	к-163	‘Местный’	Китай	Китайский	ssp. <i>rapa</i> L. (репа)	
58	к-307	‘Ostersundom’	Дания	Остерзундомский		
59	к-385	‘Бортфельдский’	Россия	Бортфельдский		
60	к-738	‘Карельская’	Россия	Карельская		
61	к-821	‘Грбовская’	Россия	Грбовская		
62	к-826	‘Миланская белая’	Россия	Миланская белая		
63	к-830	‘Петровская Д-10’	Россия	Петровская		

№	Номер в каталоге ВИР/ VIR catalogue number	Название образца/ Accession name	Происхождение/ Origin	Сортотип/ Cultivar type	Подвид, разновидность/ Subspecies, variety
64	к-984	‘Норфолькский фиолетовоголовый’	Нидерланды	Норфолькский	ssp. <i>rapa</i> L. (репа)
65	к-1050	‘Волынский’	Украина	Волынский	
66	к-1283	‘Colden ball’	Нидерланды	Золотой шар	
67	к-2192	‘Чумагу’	Китай	Западно-китайский	
68	к-2227	‘Hinona’	Япония	Японский	
69	к-2228	‘Hida Beni’	Япония	Каида	
70	вр. к-2241	‘Tennouji Kabura’	Япония	Японский	
71	вр. к-2243	‘Tokyo Market’	Япония	Японский	
72	к-68	Местный	Китай		ssp. <i>oleifera</i> (DC.) Metzger f. <i>annua</i> (сурепица яровая)
73	к-106	Lotni mustard	Индия		
74	к-108	Arlo	Швеция		
75	к-248	Local	Испания		
76	к-166	Root mustard	Тунис		
77	к-218	Nabo Silvestre	Перу		ssp. <i>silvestris</i> (Lam.) Janchen (сурепица лесная дикая)
78	к-131	Type 1	Индия		ssp. <i>trilocularis</i> (Roxb.) Hanelt (желтый сарсон)
79	к-188	Palton sarson 66	Индия		
80	к-135	Ds 17	Индия		ssp. <i>dichotoma</i> (Roxb.) Hanelt (коричневый сарсон)

Выделение геномной ДНК проводили из молодых зелёных настоящих листьев 10-15 растений с получением объединённой (bulk-) пробы. Использовали два метода: SDS-экстракцию (Dorokhov, Kloke, 1997) и СТАВ-экстракцию (Antonova et al., 2020). Оценку качества и концентрации полученных ДНК-проб проводили методом спектрофотометрии с использованием наноспектрофотометра «NanoPhotometer N60» (Implen, Германия). Качественную оценку полученной ДНК проводили при помощи гель-электрофореза в 1% агарозном геле.

Молекулярно-генетический скрининг проведён с использованием 17 маркеров: 15 SSR-маркеров семейств BRMS, Ol, Na, Ra и KS, одного EST-SSR-маркера BoESSR089 и молекулярного маркера A03 (табл. 2). Информация о праймерах, местах локализации комплементарных им последовательностей ДНК в геноме, ожидаемых фрагментах в картирующих популяциях, мотивов ДНК-маркеров была взята из публикаций авторов и публичных баз данных – VegMarks, 2024; Brassica.info, 2024.

Полимеразную цепную реакцию (ПЦР) проводили по методикам авторов маркеров (см. табл. 2). Однако в ряде случаев температура отжига праймеров ( $T^{\circ}m$ ) была скорректирована в связи с использованием отличных от используемых авторами реактивов и оборудования. В настоящем исследовании состав реакционной смеси (20 мкл) включал: 4 мкл ДНК (10 нг/мкл), 2 мкл 10×буфера для ПЦР, 1 мкл  $MgCl_2$  (50 mM), 1,2 мкл dNTPs (10 mM каждого), 0,1 мкл прямого и обратного прайме-

ров (100 мкМ), 1 U BioTaq-полимеразы (Dialat, Россия) и 14,4 мкл воды. Разделение фрагментов ПЦР было проведено в 3,5% агарозном геле, окрашенном бромистым этидием. Для визуализации результатов электрофореза была использована система «Gel-Doc XR» (Bio-Rad, США). Размеры полученных аллелей были рассчитаны при помощи программы «Image Lab 6.0.1» (Bio-Rad, США). Результаты молекулярно-генетического скрининга были занесены в бинарную матрицу и проанализированы в программе STRUCTURE 2.3.4 (Stanford University, США), рекомендованной для исследования структуры популяции в случае содержания в генотипах полиморфных локусов. Полученные данные были дополнительно обработаны в программе «StructureSelector» (Institute of Oceanology, Китай) для определения максимального значения показателя наиболее достоверного варианта кластеризации ΔK (рис. 2).

Для уточнения места локализации молекулярных маркеров в геноме *B. rapa* и определения длины ожидаемых фрагментов амплифицированной ДНК проведён анализ *in silico* с использованием программ «BLAST» (NCBI, США) и «UniPro UGENE» (Унипро, Россия) (табл. 3). В качестве референса был использован геном китайской капусты Chiifu-401-42, CAAS\_Brap\_v3.01, опубликованный в базе данных NCBI (см. табл. 3).

Характеристика эффективности полиморфных микросателлитных локусов проводилась с применением статистической обработки в программе iMEC (Amiryousefi et al., 2018; Online Marker Efficiency Calculator, 2024).

Анализ полиморфизма отдельных молекулярных маркеров проводили по следующим параметрам: H – ожидаемая гетерозиготность, PIC – величина информационного полиморфизма, EMR – эффективное мультиплексное

отношение, MI – маркерный индекс, D – дискриминационная сила, и R – разрешающая способность маркера (табл. 4).

**Таблица 2. Молекулярные маркеры, использованные в исследовании**

**Table 2. Molecular markers used in the study**

Маркер/ Marker	Последовательность праймеров (5'→3')/ Primer sequence (5'→3')	LG Группа сцепления/ Linkage group	Мотив ДНК/ DNA motif	Ожидаемый размер фрагментов, пн/ Expected fragment size, bp	Ссылка/ Reference
A03-F/ A03-R	F: AGGTTTCGACCACCATGACTC R: TGGGGTGTTTACACAAAGCTC	A01	-	нет информации	(Kim et al., 2011)
BoESSR089	F: ATGATCAGCGAAACCACTCC R: TGATACATCCCGTTTGCTCA	C01	(CTG) <sub>12</sub>	259	(Izzah et al., 2014)
BRMS-008	F:AGGACACCAGGCACCATATA R: CATTGTTGTCTTGGGAGAGC	R3	(TC) <sub>30</sub>	215	(Suwabe et al., 2006)
BRMS-042	F: GGATCAGTTATCTGCACCACAA R: TCGGAATTGGATAAGAATTCAA	R3	(AAT) <sub>4</sub> (CT) <sub>4</sub> (T) <sub>2</sub> (CT) <sub>4</sub>	122	(Hatakeyama et al., 2010)
BRMS-043	F: GCGATGTTTTTCTTCAGTGTC R: TTAATCCCTACCCACAATTTCC	R3	(A) <sub>21</sub> (T) <sub>14</sub> (GT) <sub>6</sub>	318	(Suwabe et al., 2006)
BRMS-050	F: AACTTTGCTTCCACTGATTTTT R: TTGCTTAACGCTAAATCCATAT	R3	(AAT) <sub>4</sub> (TC) <sub>19</sub> (TTC) <sub>3</sub>	164	(Hatakeyama et al., 2010)
Na12-E02	F: TTGAAGTAGTTGGAGTAATTGGAGG R: CAGCAGCCACAACCTTACG	R3	(TTG) <sub>13</sub>	104, 132	(Lowe et al., 2004)
Na10-D09	F: AAGAACGTAAGATCCTCTGC R: ACCACCACGGTAGTAGAGCG	R4	diGT/CA	273, 281, 366	(Lowe et al., 2004)
BRMS-007	F: AAATTGTTTCTCTTCCCCAT R: GTGTTAGGGAGCTGGAGAAT	R5	(CT) <sub>24</sub>	119,144, 151,157,159	(Suwabe et al., 2006)
BRMS-034	F: GATCAAATAACGAACGGAGAGA R: GAGCCAAGAAAGGACCTAAGAT	R5	(GA) <sub>18</sub>	124, 144	(Suwabe et al., 2006)
BRMS-014	F: CCGTAAGGAATATTGAGGCA R: TTCCCAATTCTCAAACGGTA	R6	(TC) <sub>15</sub>	263, 265, 272, 278, 285, 291, 293	(Suwabe et al., 2006)
Na14-G02	F: TTCCCTTTATTGAGCAAGCTG R: TCCCGGTCGTAAGATATTG	R8	(GA/CT) <sub>17</sub>	нет информации	(Lowe et al., 2004)
O112-G04	F: CGAACATCTTAGGCCGAATC R: GGTAAACCTGCGGGATATTG	R8	diGT/CA	145, 157, 178	(Lowe et al., 2004)
Ra2-E12	F: TGTCAGTGTGTCCACTTTCGC R: AGAGAAACCCAATAAAGTAGAACC	R8	diGT/CA	нет информации	(Lowe et al., 2004)
BRMS-051	F: GGCCAAGCCACTACTGCTCAGA R: GCGGAGAGTGAGGGAGTTATGG	R9	(TC) <sub>15</sub>	248, 249, 262	(Suwabe et al., 2006)
O110-D08	F: TCCGAACACTCTAAGTTAGCTCC R: GAGCTGTATGTCTCCCGTGC	R9	нет информации	175, 247	(Lowe et al., 2004)
KS50200	F: GAGTGGGATTCTCATCATGG	нет информации	нет информации	нет информации	(MBGP)*

\*MBGP (Multinational Brassica Genome Project) SSR-маркер, разработанный в рамках международного проекта по секвенированию генома рода *Brassica* (Brassica.info, 2024)

\*MBGP (Multinational Brassica Genome Project) SSR marker developed as part of the international project to sequence the genome of the genus *Brassica* (Brassica.info, 2024)

Таблица 3. Результаты молекулярного скрининга и анализа *in silico*

Table 3. Results of molecular screening and *in silico* analysis

Группа сцепления/ Linkage group	Маркер/ Marker	Ожидаемый размер фрагмента по результатам BLAST анализа, пн/ Expected fragment size based on BLAST, bp	Число аллелей/ Number of alleles	Эмпирический размер фрагментов, пн/ Empirical fragment size, bp	Локус в геноме CAAS_Brap_v3.01/ Locus in CAAS_Brap_v3.01 genome	Ген/ Gene
A01	A03-F/	560	2	480-560	LOC103850050	IPUT1
	A03-R					
A01	BoESSR089	268	8	195-304	LOC103834588	TIC
A03	BRMS-008	217	11	146-350	LOC103856816	Локус не охарактеризован
A03	BRMS-042	136	3	110-136	LOC103860630	PP2A10
A03	BRMS-043	297	6	280-340	LOC103857484	Локус не охарактеризован
A03	BRMS-050	162	5	155-200	LOC103860630	PP2A10
A03	Na12-E02	103	7	85-140	LOC103857514	WOX9
A03	KS50200	295	6	280-320	LOC103855971	procardosin-A
A03 / A04**	Na14-G02	204/198**	6	184-226	LOC103861571/	LAF1/ Локус не охарактеризован **
					LOC103861572**	
A04	Na10-D09	272	7	266-390	LOC103862953	F-box
A05	BRMS-007	180	11	120-195	LOC103870797	Локус не охарактеризован
A05	BRMS-034	123	9	116-164	LOC103866745	STADS_BRANA
A06	BRMS-014	282	10	172-340	-	-
A08	O112-G04	171	18	114-460	LOC108869426	Локус не охарактеризован
A08	Ra2-E12	192	15	127-390	LOC103834552	TIFY8
A09	BRMS-051	265	2	248-265	LOC103841374	AMP1
-	O110-D08	-	7	175-270	-	-
		Всего аллелей	133			

\*\* Маркер Na14-G02 в результате BLAST анализа был идентифицирован в локусах двух хромосом с идентичной достоверностью/  
Na14-G02 marker was identified as a result of BLAST analysis in the loci of two chromosomes with identical reliability

### Результаты

Семнадцать молекулярных маркеров были изучены с использованием 80 образцов *V. rapa* мировой коллекции ВИР (рис. 1). В результате получены данные о размере фрагментов, соответствующих аллелям, характеризующим образцы выборки. В совокупности в проанализированных локусах было выявлено 133 аллеля или 7,8 аллеля в среднем на один исследованный локус (см. табл. 3). Размеры аллелей SSR-локусов варьировали от 85 пн (Na12-E02) до 460 пн (O112-G04). Молекулярный маркер A03-F/ A03-R, дополнительно взятый в исследование, позволил идентифицировать два аллеля, 480 и 560 пн. Все SSR-локусы оказались полиморфными, число аллелей варьировало от двух (BRMS-051) до 18 (O112-G04). Статистическая оценка результатов молеку-

лярного скрининга (табл. 4) была проведена в программе iMEC. Индекс величины информационного полиморфизма (PIC) был от 0,218 (BRMA-043) до 0,322 (O112-G04). Индекс PIC>0,3 отмечен также у локусов BRMS-007, BoESSR089, Ra2-E12, а среднее значение PIC составило 0,278. Наивысший показатель ожидаемой гетерозиготности (H) – 0,499 был у локуса BRMS-042, а наименьший – 0,207 у локуса O112-G04, при среднем 0,35. Индекс эффективного мультиплексного отношения (EMR) в среднем составил 1,733 и варьировал от 2,675 (Na12-E02) до 0,612 (A03F/A03R). Дискриминационная сила маркеров (D) составила 0,986 у O112-G04 и 0,351 у BRMS-051 со средним значением 0,895. Оценка разрешающей способности маркера, при среднем в 2,85, варьировала от 4,45 (O112-G04) до 0,775 (BRMS-051). Маркерный индекс имел пределы – 0,0003 (O112-G04) и 0,0022 (Na12-E02).

**Таблица 4. Результаты статистического анализа аллельного полиморфизма у образцов *Brassica rapa***  
**Table 4. Results of statistical analysis of allelic polymorphism of *Brassica rapa* accessions**

Маркер/ Marker	H	PIС	EMR	MI	D	R
A03-F/A03-R	0,425	0,253	0,6125	0,0016	0,907	1,225
BRMS-007	0,28	0,304	1,85	0,0006	0,972	3,7
BRMS-008	0,32	0,292	2,2	0,0008	0,96	4,35
BRMS-014	0,326	0,289	2,05	0,0008	0,958	3,8
BRMS-034	0,301	0,298	1,6625	0,0007	0,966	3,325
BRMS-042	0,499	0,218	1,55	0,003	0,734	0,95
BRMS-043	0,397	0,264	1,6375	0,001	0,926	2,875
BRMS-050	0,449	0,242	1,7	0,002	0,885	2,35
BRMS-051	0,312	0,294	1,6125	0,003	0,351	0,775
BoESSR089	0,272	0,306	1,3	0,0005	0,974	2,55
Na10-D09	0,397	0,264	1,9125	0,0013	0,926	3,825
Na12-E02	0,472	0,231	2,675	0,0022	0,854	3,7
Na14-G02	0,33	0,289	1,25	0,0008	0,957	2,5
O110-D08	0,328	0,289	1,45	0,0008	0,957	0,9
O112-G04	0,207	0,322	2,225	0,0003	0,986	4,45
Ra2-E12	0,238	0,315	2,075	0,0004	0,981	4,15
KS50200	0,406	0,261	1,7	0,0014	0,92	3,1
<b>Среднее</b>	<b>0,351</b>	<b>0,278</b>	<b>1,733</b>	<b>0,0013</b>	<b>0,895</b>	<b>2,85</b>

Примечание: H – ожидаемая гетерозиготность, PIC – величина информационного полиморфизма; EMR – эффективное мультиплексное отношение; MI – маркерный индекс; D – дискриминационная сила; R – разрешающая способность маркера/ Note: H – expected heterozygosity, PIC – polymorphism information content; EMR – effective multiplex ratio; MI – marker index; D – discriminating power; R – resolving power

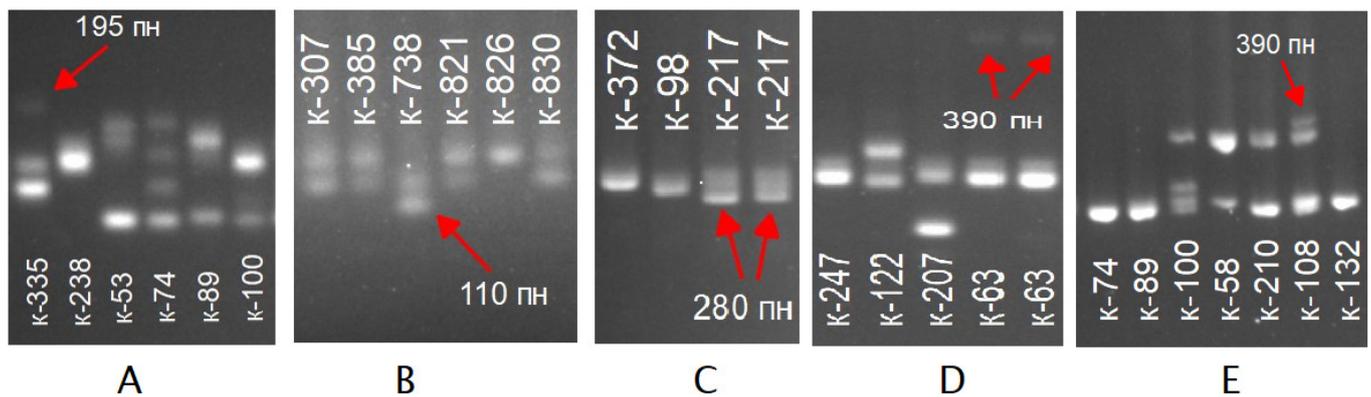
Среди изученных SSR-локусов отмечали встречаемость редких и уникальных аллелей. Аллели были отнесены к редким, если их частота идентификации в выборке не превышала 5%, в случае данного исследования не более трёх образцов. Уникальным был определен аллель, если он встречался только у одного образца выборки. Редкие аллели были найдены у локусов BRMS-007 (один аллель, 1), BRMS-008 (1), BRMS-014 (2), BRMS-034 (1), BRMS-042 (2), BRMS-043 (1), BoESSR089 (1), Na10-D09 (1), O110-D08 (1), O112G04 (5), Ra2-E12 (2). Уникальные аллели (рис. 1) были идентифицированы у образцов пекинской капусты к-63 (Ra2-E12, 390 пн) и к-108 (Na10-D09, 390 пн), японских листовых овощей к-335 (BRMS-007, 195 пн) и к-217 (BRMS-043, 280 пн), а также у образца репы к-738 (BRMS-042, 110 пн).

Аллель 123 пн маркера BRMS-007 присутствовала во всех образцах сарсонов и сурепиц, кроме к-68, во всех листовых репах, а также в 13 из 15 образцов корнеплодных реп. Данный аллель отсутствовал во всех образцах пекинской капусты, кроме двух образцов к-89 и к-122.

Другой аллель данного маркера – 139 пн был специфичен только для образцов сурепиц и сарсонов, взятых в выборке, и отсутствовал у 86% пекинской капусты и 75% реп.

Для маркера BRMS-034 характерен аллель 136 пн, который также был идентифицирован только у образцов реп и представителей сурепиц и сарсонов. Данный аллель встречался только у 16 образцов других подвидов (28% оставшейся выборки) при этом 11 из этих образцов относились к пекинской капусте, а два – к китайской.

Аллель 281 пн маркера Na10-D09 идентифицирован у всех сурепиц, сарсонов и образцов японских листовых овощей, тогда как у других образцов он был идентифицирован только у 18 образцов, 11 из которых были японского происхождения. Другие два аллеля данного маркера 263 пн и 273 пн отсутствовали у всех образцов китайской, розеточной и ноздреватой капусты. При этом аллель 263 пн присутствовал у 73% ДНК-проб репы, а 273 пн у 87% проб.



**Рис. 1. Уникальные аллели, идентифицированные у образцов *Brassica rapa***

A) BRMS-007, отмечен уникальный аллель 195 пн у представителя японских листовых овощей ‘Hiroshimana’ (к-335); B) BRMS-042, отмечен уникальный аллель 110 пн образца *ssp. rapa* L. ‘Карельская’ (к-738); C) BRMS-043, отмечен уникальный аллель 280 пн образца японских листовых овощей ‘Okute Osaka Shirona’ (к-217); D) Ra2-E12, отмечен уникальный аллель 390 пн местного образца *ssp. pekinensis* (к-63); E) Na10-D09, отмечен уникальный аллель 390 пн местного образца *ssp. pekinensis* (к-108)

**Fig. 1. Unique alleles identified in *Brassica rapa* accessions**

A) BRMS-007, a unique 195 bp allele in an accession of Japanese leafy vegetable ‘Hiroshimana’ (k-335); B) BRMS-042, a unique 110 bp allele of the *ssp. rapa* L. ‘Karel'skaya’ (k-738); C) BRMS-043, a unique 280 bp allele in an accession of Japanese leafy vegetable ‘Okute Osaka Shirona’ (k-217); D) Ra2-E12, a unique 390 bp allele in an accession of local *ssp. pekinensis* (k-63); E) Na10-D09, a unique 390 bp allele in an accession of *ssp. pekinensis* (k-108)

Для китайских капуст в данном исследовании не было обнаружено уникальных аллелей, позволявших отличать их от образцов пекинских капуст, однако аллель 261 пн маркера BoESSR089, идентифицированный у всех образцов китайской капусты, отсутствовал у всех образцов сурепиц кроме к-68, и у 68% образцов пекинских капуст.

Для образцов китайской селекции определены локусы, аллели которых найдены у более чем 85% таких образцов. Это маркеры BRMS-008 (200 пн), BRMS-042 (122 пн), BRMS-051 (248 пн), BRMS-051 (262 пн), Na12-E02 (100 пн), O110-D08 (175 пн). Аллель 175 пн локуса O110D08 идентифицирован во всех китайских образцах, а аллель 248 пн локуса BRMS-051 во всех образцах за исключением китайской капусты к-106.

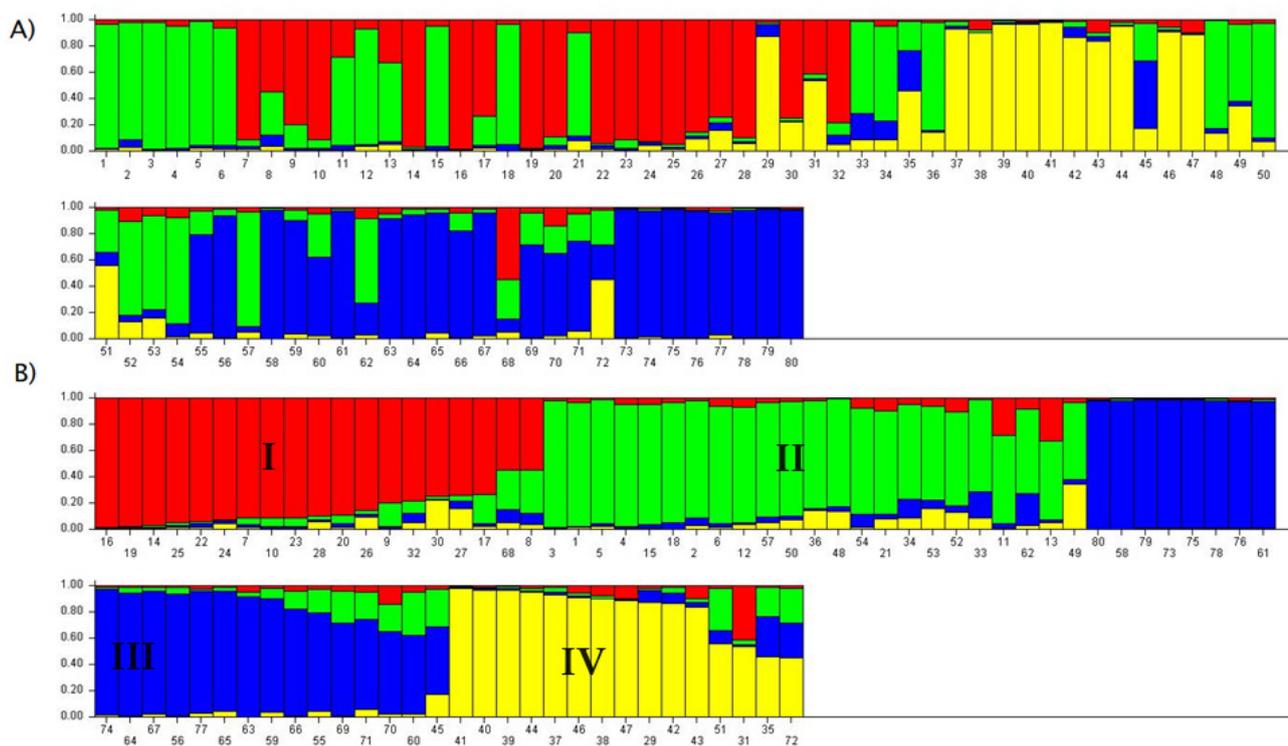
Образцы из Японии в более чем 80% выборки несли аллели маркеров BRMS-042 (136 пн), BRMS-051 (248 пн), BRMS-051 (262 пн), Na12-E02 (100 пн), O110-D08 (175 пн).

Дополнительно взятый в исследование молекулярный маркер A03-F/A03-R, проявлял слабый полиморфизм, однако он с достаточной точностью позволял отличать пекинские капусты совместно с японскими листовыми овощами от остальных образцов выборки – аллели маркера были обнаружены только у восьми образцов других подвидов. Аллель 480 пн был идентифицирован только у 26 образцов пекинских капуст, китайской капусты к-77 и образца капусты ноздреватой к-213.

Данные по наличию (1) или отсутствию (0) аллеля для каждого образца были занесены в бинарную матрицу. В дальнейшем эта матрица была проанализирована

в программе STRUCTURE. Чтобы уточнить достоверное количество групп (кластеров) из выходных данных STRUCTURE, применили метод «дельта К» (ΔK) используя программу «StructureSelector». Наибольшее значение ΔK было при распределении образцов на четыре кластера (ΔK=35,8). Первый кластер (I) включал образцы пекинской капусты, второй кластер (II) японские листовые овощи, ноздреватую, пурпурную, японскую капусту и стабильные гибриды между подвидами *B. rapa*, в третий кластер (III) преимущественно вошли образцы репы, сурепицы и сарсонов, а в четвертый кластер (IV) китайские и розеточные капусты (рис. 2).

В результате анализа *in silico* (см. табл. 3) локализации посадки праймеров в актуальной сборке CAAS\_Brap\_v3.01 референсного генома линии Chiifu-401-42 подтвердилась ранее опубликованная в базе данных NCBI информация о локализации на хромосомах всех маркеров семейств BRMS-, Na-, O1- и Ra-, кроме маркера O110-D08. Для маркера O110-D08 в данной работе не удалось установить его местоположение в референсном геноме. Уточнено место посадки праймеров маркера BoESSR089 на хромосоме A01 в геноме *B. rapa*. Для маркера KS50200 в данном исследовании был определен локус на хромосоме A03. Последовательности, комплементарные паре праймеров для маркера Na14-G04, были найдены в двух местах в геноме – на хромосомах A03 и A04 с одинаковой достоверностью. Для всех маркеров, кроме O110-D08, уточнены данные ожидаемых фрагментов согласно референсному геному линии Chiifu-401-42.



**Рис. 2. Результаты кластеризации взятых в исследование образцов по результатам анализа в программе STRUCTURE**

Арабскими цифрами обозначены порядковые номера образцов согласно таблице 1. А) распределение вклада каждого кластера в образец выборки; В) состав образцов для каждого кластера; римскими цифрами отмечены четыре кластера

**Fig. 2. Results of the studied accessions clustering based on the results of analysis in the STRUCTURE program**

Accessions are numbered by Arabic numerals as in Table 1. A) distribution of the contribution of each cluster to an accession; B) composition of accessions for each cluster; four clusters are marked with Roman numerals

Пятнадцать пар праймеров были внутрилокусными, но только одиннадцать из этих локусов были связаны с генами. Функции генов связаны с защитными механизмами растений, с влиянием на метаболизм и биосинтез жирных кислот, с участием в сигнальных путях и с развитием гипокотыля и корневой системы. Локализация маркера Na14-G04 позволила установить, что пара праймеров комплементарна последовательностям в двух хромосомах A03 и A04, а размеры ожидаемых фрагментов достаточно близки – 204 пн и 198 пн, соответственно.

### Обсуждение

Непрерывная селекция культур *Brassica rapa* во многих регионах мира приводит к тому, что традиционная таксономия не всегда может отражать филогенетические отношения внутри подвидов (Pankin, Khavkin, 2011). Различные исследования, основанные на морфологическом описании и ограниченной выборке молекулярных маркеров, отражают высокую генотипическую изменчивость вида.

Использование различных маркерных систем и, в частности, микросателлитных маркеров для изучения коллекций является хорошим инструментом в руках исследователей для анализа отношений внутри вида и генотипирования образцов. Используемая в данной работе выборка охватывала образцы из стран, как основных современных регионов выращивания (Индию, Китай, Ю. Корея, Япония), так и из стран Европы, Северной и Южной Америки. Ранее в молекулярных исследованиях *B. rapa*, проводимых в ВИР, не присутствовали образцы репы из Японии (Berensen et al., 2016; Artemyeva et al., 2017). В предыдущих исследованиях были использованы в общей сложности 45 образцов *B. rapa* и девять микросателлитных маркеров. Расширение выборки образцов до 80 и молекулярных маркеров до 17 позволило более точно определить филогенетические отношения внутри вида и выявить аллели для идентификации ряда образцов.

Полученные результаты молекулярно-генетического скрининга 80 образцов коллекции ВИР с использованием 17 молекулярных маркеров показали высокий

уровень внутривидового полиморфизма. Размеры ожидаемых аллелей были идентифицированы *in silico* для всех микросателлитных маркеров. Были изучены 133 аллеля или в среднем 7,8 аллелей на локус, что несколько больше, чем в других исследованиях с использованием этих семейств маркеров. Например, полиморфизм при анализе образцов *B. rapa* в других исследованиях варьировал от 2,8 до 6,6 аллелей на один локус (Suwabe et al., 2002; Phukan et al., 2020). Невысокий уровень выявленного полиморфизма – 4,4 аллеля на локус – был связан с небольшим разнообразием образцов (Soengas et al., 2011), равно как и с небольшим общим числом изученных образцов – 19 образцов и 6,6 аллеля на локус (Suwabe et al., 2002). С другой стороны, в работах на других видах *Brassica* было получено 10,3 аллеля на один локус при исследовании 582 образцов рапса с использованием 30 SSR-маркеров (Chen et al., 2017).

Основными показателями, позволяющими оценить степень полиморфизма маркера в популяции, являются индекс информационного полиморфизма (PIC) и значение ожидаемой гетерозиготности (H). Данные показатели были рассчитаны в программе iMEC, которая была успешно использована при изучении другой культуры рода *Brassica* – *B. oleracea* (Fateev, Artemyeva, 2020). Показатель PIC составил 0,278 и был меньше, чем в исследованиях других авторов – 0,319-0,588 (Li et al., 2021; K c k et al., 2024), что можно объяснить отсутствием в настоящей работе покрытия маркерами всех хромосом вида. Средний показатель ожидаемой гетерозиготности использованных в данном исследовании SSR-локусов (H) – 0,331 был схож с результатами исследований, полученных с использованием других SSR-маркеров.

Характерно, что молекулярные маркеры позволили идентифицировать уникальные аллели (BRMS-007 123 пн; BRMS-034 136 пн) для образцов корнеплодных и масличных культур – репы, сурепиц и сарсонов. Ранее проведённые исследования по установлению филогенетических отношений внутри японских реп показали их отличную от листовых форм генотипическую структуру (Kubo, 2019a). В данном исследовании найдены аллели, которые в случае маркера Na10D09 отсутствовали у большинства реп (75%), а в случае маркера BRMS-007 у всех реп, кроме представителей японской селекции.

В связи с тем, что большинство аллелей было идентифицировано у образцов листовых форм *B. rapa* селекции Японии и Китая, можно отметить, что образцы из Японии наиболее полно характеризовал аллель 122 пн локуса BRMS-042, а для образцов из Китая только аллели 200 и 122 пн локусов BRMS-008 и BRMS-042, соответственно.

Филогенетический анализ с использованием программы STRUCTURE разделил образцы на четыре больших кластера. Кластер I содержал 74% образцов пекинских капуст. Оставшиеся шесть из семи образцов данного подвида были отнесены ко II группе – образцам японских листовых овощей, капусты японской, пурпурной

и ноздреватой, которые составили отдельный кластер. Совместная кластеризация образцов данных подвида может указывать на их сложную селекционную природу.

Репа, совместно с представителями сурепиц и сарсонов, выделились в отдельный кластер III, что соотносится с результатами предыдущих исследований, в которых также показано расхождение данных образцов и образцов листовых капуст вида *B. rapa* (Kubo, 2019a; b). Двухлетний способ выращивания также может характеризовать совместную кластеризацию образцов репы и озимой сурепицы.

Китайские капусты выделились в отдельный кластер IV. Привлечение большего разнообразия образцов и новых микросателлитных маркеров позволило достаточно чётко отделить китайские капусты от представителей пекинской капусты, что не удалось сделать в предыдущем исследовании, проведённом с использованием 45 образцов коллекции ВИР и девяти маркеров (Bergensen et al., 2016), в котором китайские и пекинские капусты были объединены в один кластер и разделены друг от друга только внутри кластера.

По своему происхождению 55% образцов из Японии сгруппировались в кластер II и в целом представляли 66% образцов данного кластера. Образцы из Китая в основном были распределены между тремя кластерами: I (35% образцов, входящих в кластер), II (24%) и IV (56%). Вклад образцов китайской селекции ожидаемо был наиболее значимым в кластер IV, включающий образцы китайской капусты.

Образцы селекции Дании, Испании, Индии, Казахстана, Канады, Киргизии, Нидерландов, Перу, России, Туниса, Украины и Южной Кореи в целом входили в кластер III, за исключением китайской капусты к-116 (Испания) – единственной из китайских капуст отнесённой к кластеру II и репы к-826, также вошедшей в кластер II. Привлечённые в исследование японские репы вошли в кластер II, а репа ‘Ninona’ к-2227 – в кластер I.

## Заключение.

Проведённый молекулярно-генетический анализ образцов коллекции ВИР позволил выявить уникальные аллели для образцов пекинской капусты к-63 и к-108, образцов японских листовых овощей к-335 и к-217, репы к-738, что делает проще их идентификацию в последующих молекулярно-генетических исследованиях и/или селекционных программах. Кластерный анализ в программе STRUCTURE позволил эффективно разделить образцы выборки на четыре кластера согласно ботанической классификации вида *B. rapa*. Однако в данном исследовании были выявлены образцы коллекции ВИР со сложными филогенетическими отношениями. В дальнейшем планируется вовлечь в анализ большее количество микросателлитных локусов для покрытия всех хромосом вида, что позволит точнее охарактеризовать степень генетического сходства образцов коллекции ВИР.

## References/Литература

- Amirouyesei A., Hyvönen J., Poczai P. iMEC: Online Marker Efficiency Calculator. *Applications in Plant Sciences*. 2018;6(6):e1159. DOI: 10.1002/aps3.1159
- Antonova O.Yu., Klimenko N.S., Rybakov D.A., Fomina N.A., Zheltova V.V., Novikova L.Yu., Gavrilenko T.A. SSR analysis of modern Russian potato varieties using DNA samples of nomenclatural standards. *Plant Biotechnology and Breeding*. 2020;3(4):77-96. [In Russian] (Антонова О.Ю., Клименко Н.С., Рыбаков Д.А., Фомина Н.А., Желтова В.В., Новикова Л.Ю., Гавриленко Т.А. SSR-анализ современных российских сортов картофеля с использованием ДНК номенклатурных стандартов. *Биотехнология и селекция растений*. 2020;3(4):77-96). DOI: 10.30901/2658-6266-2020-4-02
- Artemyeva A.M., Solov'eva A.E., Berensen F.A., Kocherina N.V., Chesnokov Yu.V. Ecological and genetic evaluation of morphological and biochemical characters of quality in *Brassica rapa* L. accessions from VIR collection. *Agricultural Biology*. 2017;52(1):129-142. [In Russian] (Артемьева А.М., Соловьева А.Е., Беренсен Ф.А., Кочерина Н.В., Чесноков Ю.В. Эколого-генетическая оценка морфологических и биохимических признаков качества у образцов коллекции *Brassica rapa* L. ВИР. *Сельскохозяйственная биология*. 2017;52(1):129-142). DOI: 10.15389/agrobiology.2017.1.129rus
- Berensen F.A., Artemyeva A.M., Chesnokov Yu.V. Molecular-phylogenetic analysis of accessions from the VIR core collection of *B. rapa* L. (Molekulyarno-filogeneticheskiy analiz obraztsov sterzhnevoy kolektsii *B. rapa* L. VIR). *Pomiculture and small fruits culture in Russia*. 2016;47:46-49. [In Russian] (Беренсен Ф.А. Артемьева А.М., Чесноков Ю.В. Молекулярно-филогенетический анализ образцов стержневой коллекции *B. rapa* L. ВИР. *Плодоводство и ягодоводство России*. 2016;47:46-49).
- Brassica.info, 2024. Reference annotated genomes. © University of Western Australia Centre for Applied Bioinformatics. Available from: <http://www.brassica.info/genome/genomes.html> [accessed Apr. 10, 2024]
- Celucia S., De La Pena R., Villa N. Genetic Characterization of *Brassica rapa chinensis* L., *B. rapa parachinensis* (L.H. Bailey) Hanelt, and *B. oleracea alboglabra* (L.H. Bailey) Hanelt Using SSR Markers. *The Philippine Journal of Science*. 2009;138(2):141-152.
- Chen R., Hara T., Ohsawa R., Yoshioka Y. Analysis of genetic diversity of rapeseed genetic resources in Japan and core collection construction. *Breeding Science*. 2017;67(3):239-247. DOI: 10.1270/jsbbs.16192
- Chen R., Shimon A., Aono M., Nakajima N., Ohsawa R., Yoshioka Y. Genetic diversity and population structure of feral rapeseed (*Brassica napus* L.) in Japan. *PLoS One*. 2020;16:15(1):e0227990. DOI: 10.1371/journal.pone.0227990
- Cui X., Dong Y., Hou X., Cheng Y., Zhang J., Jin M. Development and characterization of microsatellite markers in *Brassica rapa* ssp. *chinensis* and transferability among related species. *Agricultural Sciences in China*. 2008;7(1):19-31. DOI: 10.1016/S1671-2927(08)60018-8
- Dixon G., Wells R. Vegetable Brassicas and related crucifers. 2<sup>nd</sup> ed. Boston, MA: CAB International; 2024. (Series: Crop Production Science in Horticulture). DOI: 10.1079/9781789249170.0000
- Dorokhov D.B., Kloke E. Fast and economical technology for RAPD analysis of plant genomes. *Russian Journal of Genetics*. 1997;33:358-365. [In Russian] (Дорохов Д.В., Клоке Э. Быстрая и экономичная технология RAPD анализа растительных геномов. *Генетика*. 1997;33:358-365).
- Fateev D.A., Artemyeva A.M. Molecular genetic characteristics of broccoli (*Brassica oleracea* L. var. *italica* Plenck) from the VIR collection. *Proceedings on applied botany, genetics and breeding*. 2020;181(3):91-99. [In Russian] (Фатеев Д.А. Артемьева А.М. Молекулярно-генетическая характеристика образцов брокколи (*Brassica oleracea* L. var. *italica* Plenck) коллекции ВИР. *Труды по прикладной ботанике, генетике и селекции*. 2020;181(3):91-99). DOI: 10.30901/2227-8834-2020-3-91-99
- Online Marker Efficiency Calculator. Available from: <https://bsapubs.onlinelibrary.wiley.com/doi/epdf/10.1002/aps3.1159> [accessed Apr. 10, 2024]
- Gomez-Campo C., Prakash S. 2 Origin and domestication. *Developments in Plant Genetics and Breeding*. 1999;4:33-58. DOI: 10.1016/S0168-7972(99)80003-6
- Hatakeyama K., Horisaki A., Niikura S., Narusaka Y., Abe H., Yoshiaki H., Ishida M., Fukuoka H., Matsumoto S. Mapping of quantitative trait loci for high level of self-incompatibility in *Brassica rapa* L. *Genome*. 2010;53(4):257-265. DOI: 10.1139/G10-001
- Izzah N.K., Lee J., Jayakodi M., Perumal S., Jin M., Park B.S., Ahn K., Yang T.J. Transcriptome sequencing of two parental lines of cabbage (*Brassica oleracea* L. var. *capitata* L.) and construction of an EST-based genetic map. *BMC Genomics*. 2014;15(1):149. DOI: 10.1186/1471-2164-15-149
- Kim S., Song Y., Lee J., Choi S., Dhandapani V., Jang C., Lim Y., Han T. Identification of the *BrRHP1* locus that confers resistance to downy mildew in Chinese cabbage (*Brassica rapa* ssp. *pekinensis*) and development of linked molecular markers. *Theoretical and Applied Genetics*. 2011;123(7):1183-1192. DOI: 10.1007/s00122-011-1658-9
- Kresovich S., Szewc-McFadden A., Bliet S., McFerson J. Abundance and characterization of simple-sequence repeats (SSRs) isolated from a size-fractionated genomic library of *Brassica napus* L. *Theoretical and Applied Genetics*. 1995;91:206-211. DOI: 10.1007/BF00220879
- Kubo N., Onnazaka K., Mizuno S., Tsuji G. Classification of "nabana" (*Brassica rapa*) cultivars and landraces based on simple sequence repeat markers. *Breeding Science*. 2019a;69(1):179-185. DOI: 10.1270/jsbbs.18126
- Kubo N., Ueoka H., Satoh S. Genetic relationships of heirloom turnip (*Brassica rapa*) cultivars in Shiga Prefecture and other regions of Japan: *The Horticulture Journal*. 2019b;88(4):471-480. DOI: 10.2503/hortj.UTD-071
- Küçük R., Sevidik E., Çayır M., Murathan Z. Genetic variation among *Brassica rapa* subsp. *rapa* genotypes growing in Malatya/Türkiye. *Genetic Resources and Crop Evolution*. 2024. DOI: 10.1007/s10722-024-01943-2
- Landry B., Hubert N., Crete R., Chiang M., Lincoln S., Etoh T. A genetic map for *Brassica oleracea* based on RFLP markers detected with expressed DNA sequences and mapping of resistance genes to race 2 of *Plasmiodiophora brassicae* (Woronin). *Genome*. 1992;35(3):409-420. DOI: 10.1139/g92-061
- Li P., Su T., Zhao X., Wang W., Zhang D., Yu Y., Bayer P., Edward D., Yu S., Zhang F. Assembly of the non-heading pak choi genome and comparison with the genomes of heading Chinese cabbage and the oilseed yellow sarson. *Plant Biotechnology Journal*. 2021;19(5):966-976. DOI: 10.1111/pbi.13522
- Lowe A., Jones A., Raybould A., Trick M., Moule C., Edwards K. Transferability and genome specificity of a new set of microsatellite primers among *Brassica* species of the U triangle. *Molecular Ecology Notes*. 2002;2:7-11. DOI: 10.1046/j.1471-8286.2002.00126.x
- Lowe A., Moul C., Trick M., Edwards K. Efficient large-scale development of microsatellites for marker and mapping applications in *Brassica* crop species. *Theoretical and Applied Genetics*. 2004;(108):1103-1112. DOI: 10.1007/s00122-003-1522-7
- Mekonnen T., Haileelassie T., Kaul T., Sharma M., Geleta B., Tesfaye K. Molecular screening of *Zymoseptoria tritici* resistance genes in wheat (*Triticum aestivum* L.) using tightly linked simple sequence repeat markers. *European Journal of Plant Pathology*. 2019;155:593-614. DOI: 10.1007/s10658-019-01795-y
- Pankin A., Khavkin E. Genome-specific SCAR markers help solve taxonomy issues: a case study with *Sinapis arvensis* (Brassicaceae, Brassicaceae). *American Journal of Botany*. 2011;98(3):54-57. DOI: 10.3732/ajb.1000422
- Phukan A., Barua P.K., Sarma R.N., Borah N. Inter and intra population diversity analysis in toria (*Brassica rapa* L.) using SSR marker. *Indian journal of genetics and plant breeding*. 2020;80(01):107-111.
- Plieske J., Struss D. Microsatellite markers for genome analysis in *Brassica*. I. development in *Brassica napus* and abundance in *Brassicaceae* species. *Theoretical and Applied Genetics*.

- 2001;102:689-694. DOI: 10.1007/s001220051698
- Qi X., An H., Ragsdale A., Hall T., Gutenkunst R., Pires J., Barker M. Genomic inferences of domestication events are corroborated by written records in *Brassica rapa*. *Molecular Ecology*. 2017;26(13):3373-3388.
- Saini P., Sirari A., Gnanesh B., Mandahal K., Ludhar N., Nagpal S., Patel S., Akhtar J., Saini P., Pratap A., Bains T., Yadav S. Assessment of simple sequence repeat (SSR) markers derived from whole-genome sequence (WGS) of mungbean (*Vigna radiata* L. Wilczek): cross-species transferability and population genetic studies in *Vigna* species. *Horticulturae*. 2024;10(1):34. DOI: 10.3390/horticulturae10010034
- Singh L., Nanjundan J., Sharma D., Singh K., Parmar N., Jain R., Kumar A. Agro-morphological traits and SSR markers reveal genetic variations in germplasm accessions of Indian mustard – an industrially important oilseed crop. *Heliyon*. 2022;8(12):e12519. DOI: 10.1016/j.heliyon.2022.e12519
- Singh S., Singh V., Ambawat S., Dubey M., Singh D. Screening and estimation of allelic differentiation in Indian mustard using SSR markers for background selection. *International Journal of Current Microbiology and Applied Sciences*. 2017;6(9):2506-2516. DOI: 10.20546/ijcmas.2017.609.308
- Soengas P., Cartea M., Francisco M., Lema M., Velasco P. Genetic structure and diversity of a collection of *Brassica rapa* subsp. *rapa* L. revealed by simple sequence repeat markers. *The Journal of Agricultural Science*. 2011;149(5):617-624. DOI: 10.1017/S002185961100013X
- Suwabe K., Iketani H., Nunome T., Kage T., Hirai M. Isolation and characterization of microsatellites in *Brassica rapa* L. *Theoretical and Applied Genetics*. 2002;104(6-7):1092-1098. DOI: 10.1007/s00122-002-0875-7
- Suwabe K., Iketani H., Nunome T., Ohya A., Hirai M., Fukuoka H. Characteristics of Microsatellites in *Brassica rapa* Genome and their Potential Utilization for Comparative Genomics in Cruciferae. *Breeding Science*. 2004;54(2):85-90. DOI: 10.1270/jsbbs.54.85
- Suwabe K., Tsukazaki H., Iketani H., Hatakeyama K., Kondo M., Fujimura M., Nunome T., Fukuoka H., Hirai M., Matsumoto S. Simple sequence repeat-based comparative genomics between *Brassica rapa* and *Arabidopsis thaliana*: The genetic origin of clubroot resistance. *Genetics*. 2006;173(1):309-319. DOI: 10.1534/genetics.104.038968.
- Thakur A., Singh K., Parmar N. Sharma D., Mishra D., Singh L., Nanjundan J., Yadav S. Population structure and genetic diversity as revealed by SSR markers in Ethiopian mustard (*Brassica carinata* A. Braun): a potential edible and industrially important oilseed crop. *Genetic Resources and Crop Evolution*. 2021;68:321-333. DOI: 10.1007/s10722
- Wang X., Wang H., Wang J., Sun R., Wu J., Liu S., Bai Y., Mun J-H., Bancroft I., Cheng F., Huang S., Li X., Hua W., Wang J., Wang X., Freeling M., Pires J.C., Paterson A.H., Chalhou B., Wang B., Hayward A., Sharpe A.G., Park B.-S., Weissshaar B., Liu B., Li B., Liu B., Tong C., Song C., Duran C., Peng C., Geng C., Koh C., Lin C., Edwards D., Mu D., Shen D., Soumpourou E., Li F., Fraser F., Conant G., Lassalle G., King G.J., Bonnema G., Tang H., Wang H., Belcram H., Zhou H., Hirakawa H., Abe H., Guo H., Wang H., Jin H., Parkin I.A.P., Batley J., Kim J.-S., Just J., Li J., Xu J., Deng J., Kim J.A., Li J., Yu J., Meng J., Wang J., Min J., Poulain J., Wang J., Hatakeyama K., Wu K., Wang L., Fang L., Trick M., Links M.G., Zhao M., Jin M., Ramchiary N., Drou N., Berkman P.J., Cai Q., Huang Q., Ruiqiang Li R., Tabata S., Cheng S., Zhang S., Zhang S., Huang S., Sato S., Sun S., Kwon S.-J., Choi S.-R., Lee T.-H., Fan W., Zhao X., Tan X., Xu X., Wang Y., Qiu Y., Yin Y., Li Y., Du Y., Liao Y., Lim Y., Narusaka Y., Wang Y., Wang Z., Li Z., Wang Z., Xiong Z., Zhang Z. The *Brassica rapa* Genome Sequencing Project Consortium. The genome of the mesopolyploid crop species *Brassica rapa*. *Nature Genetics*. 2011;43:1035-1039. DOI: 10.1038/ng.919
- VegMarks – a DNA marker database for vegetables © 2006-2020 Institute of Vegetable and Floriculture Science, NARO. Available from: <https://vegmarks.nivot.affrc.go.jp/> [accessed Apr. 10, 2024]

### Информация об авторах

**Федор Алексеевич Беренсен**, заведующий, лаборатория комплексной оценки генетических ресурсов растений, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова (ВИР), 190000 Россия, Санкт-Петербург, ул. Большая Морская, 42, 44, <https://orcid.org/0000-0002-0492-2024>

### Information about the authors

**Fedor A. Berensen**, Head, Laboratory of Complex Evaluation of Plant Genetic Resources, N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources (VIR), 42, 44, Bolshaya Morskaya Street, St. Petersburg, 190000 Russia, [f.berensen@vir.nw.ru](mailto:f.berensen@vir.nw.ru), <https://orcid.org/0000-0002-0492-2024>

**Вклад автора:** автор сделал самостоятельный вклад в подготовку публикации.

**Contribution of the author:** the author contributed solely to this article.

**Конфликт интересов:** автор заявляет об отсутствии конфликта интересов.

**Conflict of interests:** the author declares no conflict of interests.

Статья поступила в редакцию 20.04.2024; одобрена после рецензирования 20.05.2024; принята к публикации 20.06.2024.

The article was submitted on 20.04.2024; approved after reviewing on 20.05.2024; accepted for publication on 20.06.2024.

Научная статья

УДК 575.1:575.2:561:631.52

DOI: 10.30901/2658-6266-2024-2-06



## Полиморфизм ДНК в локусах, связанных с адаптацией ячменя к условиям окружающей среды, при сравнении выборок семян из археологических раскопов XII века с образцами из коллекции ВИР различного географического происхождения

Т. В. Семилет, Н. А. Швачко, О. Н. Ковалева, Л. Ю. Шипилина, Е. К. Хлесткина

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

**Автор, ответственный за переписку:** Наталия Альбертовна Швачко, n.shvachko@vir.nw.ru

При изучении полиморфизма ДНК древних семян, имевших значение для жизнедеятельности человека, найденных в ходе археологических раскопок, и сравнении их с современными образцами, можно, в зависимости от эволюционной значимости/нейтральности выявляемых отличий, либо находить следы адаптации форм, используемых в древности, к неблагоприятным условиям окружающей среды, либо уточнять происхождение образцов, получая дополнительные свидетельства о торгово-экономических связях между разными регионами в разные эпохи. Целью настоящей работы было изучить полиморфизм ДНК при сравнении семян ячменя XII века из Усвятского городища Псковской области и образцов из коллекции ВИР различного географического происхождения при использовании данных секвенирования последовательностей генов *CHI* и *ELF3*. Из 18 полиморфных SNP-локусов, выявленных в изучаемых генах при анализе исследуемой выборки ячменя, для семи SNP удалось ресеквенировать контекстные последовательности в образцах древней ДНК. Выявленные аллельные изменения в данных семи SNP-локусах являются нейтральными, не приводят к заменам аминокислот, поэтому могут использоваться для сравнительного анализа происхождения образцов. Гаплотип, установленный у древнего ячменя по изученным семи SNP, не совпал полностью ни с одним из исследованных образцов коллекции ВИР. Вместе с тем, по редко встречающимся аллелям выявлено сходство с белорусским сортом 'Криничный', а по часто встречающимся аллелям – с несколькими образцами *H. vulgare* L. разного происхождения (Швеция, Дания, Армения), а также с *H. spontaneum* (K. Koch) Thell.

**Ключевые слова:** SNP, биологическая коллекция, ген *CHI*, ген *ELF3*, древняя ДНК, отбор, палеоботаника, палеогенетика, секвенирование, ячмень

**Благодарности:** Работа выполнена в рамках темы НИР № 0481-2022-0007 «Выявление новых генетических маркеров селекционно значимых свойств и новых аллельных вариантов хозяйственно ценных генов в генофонде культурных растений и их диких родичей при помощи геномных и постгеномных технологий».

**Для цитирования:** Семилет Т.В., Швачко Н.А., Ковалева О.Н., Шипилина Л.Ю., Хлесткина Е.К. Полиморфизм ДНК в локусах, связанных с адаптацией ячменя к условиям окружающей среды, при сравнении выборок семян из археологических раскопов XII века с образцами из коллекции ВИР различного географического происхождения. *Биотехнология и селекция растений*. 2024;7(2):67-74. DOI: 10.30901/2658-6266-2024-2-06

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

© Семилет Т.В., Швачко Н.А., Ковалева О.Н., Шипилина Л.Ю., Хлесткина Е.К., 2024

---

Original article

DOI: 10.30901/2658-6266-2024-2-o6

## DNA polymorphism in loci associated with the adaptation of barley to environmental conditions, when comparing seed samples from archaeological excavations of the 12th century with the VIR collection accessions of different geographical origin

Tatiana V. Semilet, Natalia A. Shvachko, Olga N. Kovaleva, Liliya Yu. Shipilina, Elena K. Khlestkina

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

**Corresponding author:** Natalia A. Shvachko, n.shvachko@vir.nw.ru

When studying the DNA polymorphism of ancient seeds from archaeological excavations, and comparing them with modern ones, it is possible, depending on the evolutionary significance/neutrality of the identified differences, to either find traces of adaptation of genotypes used in ancient times to unfavorable environmental conditions, or to clarify the origin of the samples, establishing additional evidence of trade and economic ties between different regions in different eras. The purpose of this work was to study the DNA polymorphism by comparing the 12th-century barley seeds from the Usvyaty settlement of the Pskov Region and VIR collection accessions of different geographical origin using the *CHI* and *ELF3* gene fragments sequencing data. Of the 18 polymorphic SNP loci identified in the studied genes during the analysis of the barley samples under study, seven SNPs were from the regions amenable for resequencing in ancient DNA samples. The identified allelic changes in those seven SNP loci were neutral and did not lead to amino acid substitutions, therefore they can be used for a comparative analysis of the sample origin. The haplotype revealed in ancient barley based on the seven studied SNPs did not completely coincide with any of the studied accessions from the VIR collection. At the same time, rare alleles showed similarities with a Belarusian cultivar 'Krinichny', and the frequently occurring ones with several accessions of *H. vulgare* L. of different origin (Sweden, Denmark, Armenia), as well as with *H. spontaneum* (K. Koch) Thell.

**Keywords:** SNP, biological collection, *CHI* gene, *ELF3* gene, ancient DNA, selection, paleobotany, paleogenetics, sequencing, barley

---

**Acknowledgments:** The work was carried out within the framework of research topic No. 0481-2022-0007 "Identification of new genetic markers of properties of importance for breeding and new allelic variants of economically valuable genes in the gene pool of cultivated plants and their wild relatives using genomic and post-genomic technologies".

**For citation:** Semilet T.V., Shvachko N.A., Kovaleva O.N., Shipilina L.Y., Khlestkina E.K. DNA polymorphism in loci associated with the adaptation of barley to environmental conditions, when comparing seed samples from archaeological excavations of the 12th century with the VIR collection accessions of different geographical origin. *Plant Biotechnology and Breeding*. 2024;7(2):67-74. (In Russ.). DOI: 10.30901/2658-6266-2024-2-o6

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

---

© Semilet T.V., Shvachko N.A., Kovaleva O.N., Shipilina L.Y., Khlestkina E.K., 2024

## Введение

С помощью палеогенетических подходов ранее нами были изучены древние образцы ячменя XII века, найденные при раскопках Усвяцкого городища в Псковской области, была реконструирована архитектоника колоса древних злаковых (Semilet et al., 2023; 2024), в том числе выявлено, что для ячменя, используемого на Северо-Западе Руси в XII веке все еще была свойственна ломкоколосость. Вероятно, формирование сельскохозяйственных традиций в данной местности находилось в процессе становления, а особенность географического положения городища Усвяты на пути «из варяг в греки» могло содействовать здесь появлению семенного материала, принесенного издалека и не прошедшего отбор и адаптацию к местным условиям. Также полученные ранее данные (Semilet et al., 2024) указывают на возможность того, что ячмень был привезен в XII веке на территорию Усвяцкого городища в качестве главного компонента кормовой или зерновой смеси.

Целью настоящей работы было изучить полиморфизм ДНК при сравнении семян ячменя из Усвяцкого городища и образцов из коллекции ВИР различного географического происхождения при использовании данных секвенирования последовательностей отдельных генов.

Определяющим фактором выбора последовательностей ядерного генома для проведения данного сравнения была потенциальная вероятность высокой степени дивергенции между образцами, происходящими из разных широт. За адаптацию к разной длине дня отвечают гены, связанные с циркадными ритмами. Циркадные ритмы – эндогенные осцилляторы, которые, предвещая сезонные изменения, вызывают адаптивные реакции (Huang et al., 2017).

Примером работы циркадных ритмов является влияние длины светового дня на раннее созревание ячменя. У *Hordeum vulgare* L. одним из ключевых генов, формирующих реакцию на фотопериод и регулирующих суточные ритмы, является *ELF3* (*EARLY FLOWERING 3*) (Deng et al., 2015). Изменения в работе данного гена приводят к появлению фенотипа с нейтральным фотопериодом (Zakhrabekova et al., 2012; Boden et al., 2014; Deng et al., 2015; Huang et al., 2017).

Помимо гена *ELF3* для сравнения образцов ячменя мы выбрали один из ключевых генов, а именно ген, контролирующий биосинтез флавоноидов *CHI*. Последний усиливается в ответ на окислительный стресс и способствует широкой неспецифической устойчивости растений к различным неблагоприятным факторам окружающей среды, как абиотическим, так и биотическим (Khlestkina, 2013).

У зерновых культур картированы и охарактеризованы основные структурные гены, кодирующие ферменты фенилпропаноидного и флавоноидного путей (Druka et al., 2003; Khlestkina et al., 2011; 2015; Peukert et al., 2013; Shoeva et al., 2017; 2018; Vikhorev et al., 2019). Среди них халконфлаванонизомераза *CHI* – один из ключевых фер-

ментов в пути биосинтеза флавоноидов, осуществляющий превращение халконов в флаваноны и участвующий в синтезе 11 из 12 основных классов флавоноидных соединений (Khlestkina et al., 2015).

Из 18 полиморфных SNP-локусов, выявленных в генах при анализе изучаемой выборки ячменя, для семи SNP удалось ресеквенировать контекстные последовательности в образцах древней ДНК. Сведения об отличиях и сходстве по этим SNP древнего ячменя с образцами современного *H. vulgare* различного происхождения представлены в настоящей работе.

## Материалы и методы

Материалом для исследования послужили древние зерновки ячменя *Hordeum* sp., которые были найдены при раскопках Усвяцкого городища XII века во время экспедиции в 2019 году под руководством кандидата исторических наук И.И. Еремеева (Санкт-Петербургский Институт истории материальной культуры Российской академии наук) и переданы для дальнейшего изучения в отдел агроботаники и *in situ* сохранения генетических ресурсов растений ВИР. Материал описан подробнее в работах Т.В. Семилет (Semilet et al., 2023; 2024).

Ранее была показана генетическая гомогенность ячменя в данной исторической находке. В настоящей работе эксперимент проводили не менее чем в двух биологических повторностях для каждой пары ПЦР-праймеров.

Современная выборка включала образцы ячменя, контрастные по регионам возделывания (табл. 1).

В качестве референсной для гена *CHI* использовали последовательность из базы данных NCBI под номером AF474923.2 – «*Hordeum vulgare* subsp. *vulgare* chalcone isomerase (*CHI*) gene, complete cds». Длина размещенной последовательности – 10072 пн, кодирующая часть соответствует диапазону 5534...6429, в том числе зрелой мРНК соответствуют диапазоны: 5534..5627, 5748..5909, 5990..6429.

В качестве референсной для гена *ELF3* использовали последовательность из базы данных NCBI под номером JN180296.1 – «*Hordeum vulgare* subsp. *vulgare* early flowering protein 3 (*ELF3*) gene, complete cds». Длина размещенной последовательности – 5075 пн, кодирующая часть соответствует диапазону 935...4447, в том числе зрелой мРНК соответствуют диапазоны: 935..1186, 1494..2422, 3201..3252, 3383..4447.

Гомологичные последовательности для выявления в исследуемых генах районов с повышенной изменчивостью определяли в базах данных NCBI и Phytozome при помощи алгоритма BLAST. Выравнивание последовательностей осуществляли с помощью программы Multalin [Multiple sequence alignment by Florence Corpet (<http://multalin.toulouse.inra.fr/multalin/>)]. Предсказанные аминокислотные последовательности получали при помощи программы Sequence Utilities ([https://www.bioline.com/media/calculator/01\\_12.html](https://www.bioline.com/media/calculator/01_12.html)).

Таблица 1. Образцы *Hordeum* sp. из коллекции ВИР, использованные в работе

Table 1. *Hordeum* sp. accessions from the VIR collection used in the study

№ в каталоге ВИР/ VIR catalogue No.	Порядковый номер образца, используемый в данной статье/ Accession ordinal number used in this study	Вид, разновидность/ Species, variety	Название/ Name	Сроки спелости/ экологическая пластичность (если есть данные)/ Maturity dates/ ecological plasticity (if available)	Происхождение/ Origin
15541	1	<i>Hordeum vulgare nutans</i>	‘Binder’	среднеспелый	Швеция
17442	2	<i>H. vulgare nutans</i>	‘Kenia’	среднеспелый	Дания
18429	3	<i>H. vulgare nutans</i>	‘Proctor’	среднеспелый	Великобритания
18532	4	<i>H. vulgare nutans</i>	‘Maythorpe’	среднеспелый	Великобритания
20455	5	<i>H. vulgare nutans</i>	‘Gull’	среднеспелый	Швеция
27605	6	<i>H. vulgare nutans</i>	‘Криничный’	среднеспелый, экологически пластичный	Беларусь
6683	7	<i>H. vulgare nutans</i>	‘Местный’	скороспелый	Армения
7510	8	<i>H. vulgare nutans</i>	‘Orge de pays (partout)’	среднеранний	Алжир
15033	9	<i>H. vulgare nudum</i>	Местный	скороспелый, нейтральный фотопериод	Дагестан
30383	10	<i>H. vulgare pallidum</i>	‘C.I. 11008 Lan’	скороспелый	Перу
29209	11	<i>H. vulgare pallidum</i>	‘Ivate Mensury 2’	нет данных	Япония
15036	12	<i>H. vulgare nutans</i>	‘Местный’	скороспелый, нейтральный фотопериод	Дагестан
20279	13	<i>H. vulgare erectum</i>	Kinai N 5	скороспелый, нейтральный фотопериод	Япония
W-843	14	<i>H. marinum</i> Huds.	-	-	Азербайджан
W-610	15	<i>H. spontaneum</i> (K. Koch) Thell.	-	-	Дагестан
-	16	<i>Hordeum</i> sp.	-	-	Россия

К участкам с повышенной изменчивостью (в том числе с наибольшей частотой встречаемости SNP, Single nucleotide polymorphism – однонуклеотидный полиморфизм) были подобраны пары праймеров (табл. 2) для дальнейшей постановки ПЦР и проведения секвенирования.

Палеогенетические исследования древней ДНК осуществляли по общепринятым правилам работы, опубликованным ранее (Pääbo et al., 1989; Poinar et al., 2001; Semilet et al., 2023).

Для выделения современной и древней ДНК использовали коммерческий набор DNeasy Plant Mini Kit (Qiagen). Экстракцию ДНК проводили согласно протоколу произ-

водителя. Стадию рефрагментации (обогащения) проводили с использованием набора Sigma-Aldrich GenomePlex Complete Whole Genome Amplification (WGA). Проверку качества препаратов ДНК проводили спектрофотометрическим методом на приборе NanoPhotometer NanoDrop (IMPLEN, Germany).

ПЦР проводили по протоколу, описанному ранее (Semilet et al., 2023). Полученные фрагменты окрашивали бромидом этидия и изучали в ультрафиолетовом свете с использованием системы гель-документирования Gel Doc XR<sup>+</sup> (Bio-Rad). Выделение и очистку фрагментов ПЦР перед секвенированием осуществляли при помощи набора diaGene для выделения ДНК из реакционной сме-

Таблица 2. Список праймеров, использованных в работе

Table 2. List of primers used in this study

Название/ Designation	Прямой праймер/ Forward primer	Обратный праймер/ Reverse primer	Размер продукта/ Product size	Автор/ Author
ELF3-1	CACCAGAGACACAGACCCTT	GCCATGCTCACTCACTCA	288	*
ELF3-2	TGAGTGAGTGAGCATGGC	GGACGCTGAACTGCT	200	*
ELF3-3	ATTGGTGGGATCGACAGAC	TTAGAACGAGGACGCACTC	287	*
ELF3-4	CAGAGACAACAACGCCA	GTTTGCTGGTGCTTTGTCC	295	*
ELF3-5	GGACAAAGCACCAGCAAAC	TCTCATTCCTTGTCTAGCCT	200	*
ELF3-6	AGGCTAGAACAAGGAATGAGA	CGATAGCTCTTCTTGCTTTCC	285	*
ELF3-7	TCAGCAGCGGGTTTTTG	CCAAGGCATGGATCTCCTTC	240	*
ELF3-8	GGAAAGCAAGAAGAGCTATCG	CCAAGGCATGGATCTCCTTC	1037	*
ELF3-9	GAAGGAGATCCATGCCTTGG	CTTGTGTGCGGTAGGAGCAG	279	*
ELF3-10	CTGCTCCTACCGACAACAAG	CTGAAAGGCGGGAAGTACAT	295	*
ELF3-11	ATGTACTTCCCGCCTTTTACAG	CCCTGCTGCCTGTCAAAG	242	*
ELF3-12	CAGAGACAACAACGCCAAG	CGATAGCTCTTCTTGCTTTCC	744	*
CHI-1	CGGACAAGGTGACGGAGAA	GGAGAAGGCGACGGTGAG	176	Shoeva et al., 2015
CHI-2	GCCACTTCATCAAGTTCACG	GCGGCAGGATCATTGTC	260	*
CHI-1	CGGACAAGGTGACGGAGAA	AGC TCA GCG ACC CTG TT	316	*
CHI-2	GCCACTTCATCAAGTTCACG	AGC TCA GCG ACC CTG TT	594	*

**Примечание:** \* Праймеры, сконструированы с использованием программы Oligo Primer Analysis Software v.7 (<https://oligo.net/>) и базы данных Integrated DNA Technologies/ Primers were designed using Oligo Primer Analysis Software v.7 (<https://oligo.net/>) and the Integrated DNA Technologies database.

си, согласно инструкции производителя (Диа-М, Россия).

Секвенирование образцов по Сэнгеру проводили на генетическом анализаторе Applied Biosystems 3500 (Thermo Fischer scientific®, США). Обработку полученных секвенограмм проводили с использованием программного обеспечения UGENE v.40.0 (Okonechnikov et al., 2012).

## Результаты и обсуждение

Секвенирование высоко изменчивых областей генов *ELF3* и *CHI* позволило выявить восемь и десять SNP, соответственно (табл. 3). У образцов древнего ячменя удалось амплифицировать области, несущие семь из этих 18 SNP – три SNP в гене *ELF3* и четыре SNP в гене *CHI* (см. табл. 3). Выявленные аллельные изменения в данных семи SNP-локусах являются нейтральными, не приводят к изменению аминокислоты, поэтому могут быть использованы для сравнительного анализа происхождения образцов.

Гаплотип, выявленный у древнего ячменя в результате изучения семи SNP, не совпадает полностью ни с одним гаплотипом образцов из коллекции ВИР. Вместе с тем привлекают внимание аллельные варианты в локусах *Elf3-2297* и *Elf3-2345*, в которых замена Т на С и А на G, соответственно, встречаются только у древнего ячменя и у сорта ‘Криничный’, районированного в Белорусской ССР в 1987 году. Этот сорт – среднеспелый, экологически пластичный, то есть проявляющий способность давать стабильный урожай при изменении условий окружающей

среды (Lukyanova et al., 1992).

Еще одна замена G на C встречается только у *H. marinum* Huds., этот локус идентичен у всех современных образцов *H. vulgare*, *H. spontaneum* и у древнего ячменя. Остальные пять SNP-локусов аллели, встречающейся у древнего ячменя, являются распространенными среди образцов коллекции ВИР разного географического происхождения. Из этих пяти локусов в четырех можно видеть сходство усвятого ячменя со среднеспелым образцом из Швеции (№1 в табл. 1 и 3), в 3-х – со среднеспелым ячменем из Дании (№2, см. табл. 1 и 3) и скороспелым из Армении (№7, см. табл. 1 и 3), а также с образцом *H. spontaneum* (№15, см. табл. 1 и 3).

На сходство усвятого ячменя с *H. spontaneum* указывали и результаты проведенных ранее исследований генов, связанных с морфологией колоса (Semilet et al., 2023; 2024).

Как известно, *H. vulgare* был одомашнен на территории Плодородного полумесяца от дикого предка, сходного с современным *H. spontaneum* (K. Koch) Thell. При перемещении культурных форм в новые регионы происходила адаптация к условиям окружающей среды: колебаниям годовых температур и продолжительности светового дня. В результате было неизбежным изменение генетической регуляции времени вегетации и цветения (McClung, 2021).

Около 70 лет назад уже была поставлена задача по целенаправленной селекции ячменя на скороспелость, для того чтобы обеспечивать высокую продуктивность

**Таблица 3. Аллельные варианты, выявленные в SNP-локусах генов *ELF3* и *CHI*, и их характеристики.**

NA – фрагмент, несущий данный SNP-локус не удалось амплифицировать у образцов древней ДНК, S – синонимичная замена

**Table 3. Allelic variants identified in the SNP loci of the *ELF3* and *CHI* genes and their characteristics.**

NA – fragment carrying this SNP locus could not be amplified from ancient DNA samples, S – synonymous substitution.

Ген/ Gene	Позиция (пн)/ Position bp	Аллели/ Alleles	Аллель у древнего ячменя/ Allele in ancient barley	Нейтральность замены/ Substitution neutrality	Современные образцы с аллелем, одинаковым с древним ячменем/ Contemporary accessions with the same allele as ancient form
<i>ELF3</i>	735	T/C	NA	NA	NA
	752	T/C	NA	NA	NA
	765	T/C	NA	NA	NA
	2297	T/C	C	S	6
	2345	A/G	G	S	6
	3372	T/C	NA	NA	NA
	3502	A/G	A	S	1,5,8
	3619	A/G	NA	NA	NA
<i>CHI</i>	6072	T/C	C	S	1,2,4,7,13,15
	6078	G/C	NA	NA	NA
	6094	A/G	NA	NA	NA
	6129	C/A	NA	NA	NA
	6168	T/C	NA	NA	NA
	6111	T/C	C	S	1,2,4,7,13,14,15
	6207	G/C	G	S	все, кроме <i>H.marimum</i> (14)
	6274	C/A	C	S	1,2,4,5,6,7,11,15
	6279	C/A	NA	NA	NA
	6327	G/T	NA	NA	NA

\*Примечание: номера образцов в столбце 6 соответствуют таковым в таблице 1 (столбец 2) / Note: Sample numbers in column 6 correspond to those in table 1 (column 2)

при возделывании на территориях с коротким вегетационным периодом (Smith, 1951). Как известно, такие площади составляют значительную часть земной поверхности и селекция, направленная на создание растений с ранним созреванием, значительно увеличивает производство продуктов питания на мировом уровне (Smith, 1951; Tester, Langridge, 2010; Zakhrebekova et al., 2012).

У ячменя одним из ключевых генов, который ассоциирован с реакцией растений на длину светового дня и регулирующим суточные ритмы, является *ELF3* (*EARLY FLOWERING 3*) (Deng et al., 2015). Ген *ELF3* расположен в хромосоме 1Н и кодирует белок Elf3-like protein 2, важный для реакции растения на длину светового дня (Boden et al., 2014). Рядом исследователей показано, что экспрессия *ELF3* влияет на гены биосинтеза гиббереллинов *GA20ox* (*GA20oxidase*) и активность ключевого гена

цветения *FTI* (*FLOWERING LOCUS TI*) и способствует вегетативному росту при коротком световом дне и раннему колошению при длинном фотопериоде (Zakhrebekova et al., 2012; Boden et al., 2014; Deng et al., 2015; Huang et al., 2017). Мутации, возникающие в данном гене, приводят к потере чувствительности к длине светового дня и формированию растений с нейтральным фотопериодом. Одной из распространенных мутаций раннего созревания ячменя является *Eam8* (mat.a-8) (Zakhrebekova et al., 2012).

Выявленное сходство уস্যятского ячменя с белорусским сортом 'Криничный' по редкому аллелю гена *Elf3*, делает в перспективе интересным сравнительное изучение широкого спектра SNP-локусов в генах, связанных с адаптацией к фотопериоду, причем не только эволюционно нейтральных SNP, но и ассоциированных с функцио-

нально значимыми изменениями.

Высокий адаптивный потенциал и устойчивость к неблагоприятным факторам окружающей среды обуславливают флавоноидные соединения. В настоящей работе мы изучили полиморфизм ДНК на основе ресеквенирования фрагментов ключевого структурного гена биосинтеза флавоноидов *CHI* у древнего ячменя и современных образцов. По данным эволюционных исследований структурных генов биосинтеза флавоноидов (Lu, Rausher, 2003; Rausher et al., 1999; 2008; Shoeva et al., 2017), ключевые гены, в частности *CHI*, испытывают высокое давление отбора и являются консервативными. Вероятно, с этим связано, что выявленные нами аллельные варианты SNP у древнего и современного ячменя являются эволюционно нейтральными. Перспективу для дальнейших сравнительных исследований эволюционно значимых SNP представляют регуляторные гены биосинтеза флавоноидов, менее консервативные и эволюционирующие быстрее структурных генов (Rausher et al., 1999; Shoeva et al., 2017). Вместе с тем, именно нейтральные полиморфные локусы, исследованию которых была посвящена настоящая работа, могут быть использованы для сравнительного анализа и уточнения происхождения мало изученного генетического материала, к которому относится, в том числе древний ячмень, найденный при археологических раскопках в городище Усвяты.

При изучении артефактов в отношении эволюционно значимых полиморфных локусов, найденных при раскопках, потенциально возможно выявить следы адаптации форм к неблагоприятным условиям окружающей среды, происходившей в древности, тогда как исследование эволюционно нейтральных SNP перспективно для уточнения происхождения образцов и выявления дополнительных свидетельств о торгово-экономических связях между разными регионами в разные эпохи.

## References/Литература

- Boden S.A., Weiss D., Ross J.J., Davies N.W., Trevaskis B., Chandler P.M., Swain S.M. *EARLY FLOWERING3* regulates flowering in spring barley by mediating gibberellin production and *FLOWERING LOCUS T* Expression. *The Plant Cell*. 2014;26(4):1557-1569. DOI: 10.1105/tpc.114.123794
- Deng W., Clausen J., Boden S., Oliver S.N., Casao M.C., Ford B., Anderssen R.S., Trevaskis B. Dawn and Dusk Set States of the Circadian Oscillator in Sprouting Barley (*Hordeum vulgare*) Seedlings. *PLOS ONE*. 2015;10(6):e0129781. DOI: 10.1371/journal.pone.0129781
- Druka A., Kudrna D., Rostoks N., Brueggeman R., von Wettstein D., Kleinhofs A. Chalcone isomerase gene from rice (*Oryza sativa*) and barley (*Hordeum vulgare*): physical, genetic and mutation mapping. *Gene*. 2003;302(1-2):171-178. DOI: 10.1016/S0378-1119(02)01105-8
- Huang H., Gehan M.A., Huss S.E., Alvarez S., Lizarraga C., Gruebbing E.L., Gierer J., Naldrett M.J., Bindbeutel R.K., Evans B.S., Mockler T.C., Nusinow D.A. Cross-species complementation reveals conserved functions for *EARLY FLOWERING 3* between monocots and dicots. *Plant Direct*. 2017;1(4):e00018. DOI: 10.1002/pld3.18
- Khlestkina E., Salina E., Matthies I., Leonova I., Börner A., Röder M. Comparative molecular marker-based genetic mapping of flavanone 3-hydroxylase genes in wheat, rye and barley. *Euphytica*. 2011;179:333-341. DOI: 10.1007/s10681-010-0337-2
- Khlestkina E.K. The adaptive role of flavonoids: emphasis on cereals. *Cereal Research Communications*. 2013;41(2):185-198. DOI: 10.1556/CRC.2013.0004
- Khlestkina E.K., Shoeva O.Y., Gordeeva E.I. Flavonoid biosynthesis genes in wheat. *Russian Journal of Genetics: Applied Research*. 2015;5(3):268-278. DOI: 10.1134/S2079059715030077
- Lu Y., Rausher M.D. Evolutionary rate variation in anthocyanin pathway genes. *Molecular Biology and Evolution*. 2003;20(11):1844-1853. DOI: 10.1093/molbev/msg197
- Lukyanova M.V., Ilyina N.V., Ivanova N.S., Khokhlova G., Ivanova O.A., Lukina N.I., Tyulina N.R., Anikina L.V., Bogdanova G.M., Ivanova N.N., Nikitina N.D., Terentyeva I.A. (comp.). Catalogue of the VIR global collection. Iss. 632. Barley. Source material for breeding in the Non-Black Earth Zone of Russia (Yachmen'. Iskhodnyi material dlya selektsii v Nечерноземной зоне Rossii). St. Petersburg: VIR; 1992. [in Russian] (Каталог мировой коллекции ВИР. Вып. 632. Ячмень. Исходный материал для селекции в Нечерноземной зоне России/ сост.: М.В. Лукьянова, Н.В. Ильина, Н.С. Иванова, Г. Хохлова, О.А. Иванова, Н.И. Лукина, Н.Р. Тюлина, Л.В. Аникина, Г.М. Богданова, Н.Н. Иванова, Н.Д. Никитина, И.А. Терентьева. Санкт-Петербург: ВИР; 1992).
- McClung C.R. Circadian clock components offer targets for crop domestication and improvement. *Genes (Basel)*. 2021;12(3):374. DOI: 10.3390/genes12030374
- Okonechnikov K., Golosova O., Fursov M.; UGENE team. Unipro UGENE: a unified bioinformatics toolkit. *Bioinformatics*. 2012;28(8):1166-1167. DOI: 10.1093/bioinformatics/bts091
- Pääbo S., Higuchi R.G., Wilson A.C. Ancient DNA and the polymerase chain reaction. The emerging field of molecular archaeology. *The Journal of Biological Chemistry*. 1989;264(17):9709-9712. DOI: 10.1016/S0021-9258(18)81710-0
- Peukert M., Weise S., Röder M.S., Matthies I.E. Development of SNP markers for genes of the phenylpropanoid pathway and their association to kernel and malting traits in barley. *BMC Genetics*. 2013;14:97. DOI: 10.1186/1471-2156-14-97
- Poinar H.N., Kuch M., Sobolik K.D., Barnes I., Stankiewicz A.B., Kuder T., Spaulding W.G., Bryant V.M., Cooper A., Pääbo S. A molecular analysis of dietary diversity for three archaic Native Americans. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*. 2001;98(8):4317-4322. DOI: 10.1073/pnas.061014798
- Rausher M.D., Lu Y., Meyer K. Variation in constraint versus positive selection as an explanation for evolutionary rate variation among anthocyanin genes. *Journal of Molecular Evolution*. 2008;67(2):137-144. DOI: 10.1007/s00239-008-9105-5
- Rausher M.D., Miller R.E., Tiffin P. Patterns of evolutionary rate variation among genes of the anthocyanin biosynthetic pathway. *Molecular Biology and Evolution*. 1999;16(2):266-274. DOI: 10.1093/oxfordjournals.molbev.a026108
- Semilet T., Shvachko N., Smirnova N., Shipilina L., Khlestkina E. Using DNA markers to reconstruct the lifetime morphology of barley grains from carbonized cereal crop remains unearthed at Usvyaty Settlement. *Biological Communications*. 2023;68(1):3-9. DOI: 10.21638/spbu03.2023.101
- Semilet T.V., Smirnova N.V., Shvachko N.A., Kovaleva O.N., Khlestkina E.K. Restoration of the spike architectonics in ancient barley excavated at the twelfth-century settlement of Usvyaty. *Proceedings on Applied Botany, Genetics and Breeding*. [preprint] 2024. [in Russian] (Семилет Т.В., Смирнова Н.В., Швачко Н.А., Ковалева О.Н., Хлесткина Е.К. Восстановление архитектоники колоса древнего ячменя из раскопа Усвяцкого городища XII века. Труды по прикладной ботанике, генетике и селекции. [в печати] 2024).
- Shoeva O.Y., Glagoleva A.Y., Khlestkina E.K. The factors affecting the evolution of the anthocyanin biosynthesis pathway genes in monocot and dicot plant species. *BMC Plant Biology*. 2017;17(Suppl 2):256. DOI: 10.1186/s12870-017-1190-4
- Shoeva O.Y., Kukoeva T.V., Börner A., Khlestkina E.K. Barley *Ant1* is a homolog of maize *C1* and its product is part of the regulatory machinery governing anthocyanin synthesis in the leaf sheath. *Plant Breeding*. 2015;134(4):400-405. DOI: 10.1111/pbr.12277

- Shoeva O.Yu., Strygina K.V., Khlestkina E.K. Genes determining the synthesis of flavonoid and melanin pigments in barley. *Vavilov Journal of Genetics and Breeding*. 2018;22(3):333-342. [in Russian] (Шоева О.Ю., Стрыгина К.В., Хлесткина Е.К. Гены, контролирующие синтез флавоноидных и меланиновых пигментов ячменя. *Вавиловский журнал генетики и селекции*. 2018;22(3):333-342). DOI: 10.18699/VJ18.369
- Smith L. Genetics and cytology of barley. *The Botanical Review*. 1951;17:133-202. DOI: 10.1007/BF02861800
- Tester M., Langridge P. Breeding technologies to increase crop production in a changing world. *Science*. 2010;327(5967):818-822. DOI: 10.1126/science.1183700
- Vikhorev A.V., Strygina K.V., Khlestkina E.K. Duplicated *flavonoid 3'-hydroxylase* and *flavonoid 3',5'-hydroxylase* genes in barley genome. *PeerJ*. 2019;7(1):e6266. DOI: 10.7717/peerj.6266
- Zakhrabekova S., Gough S.P., Braumann I., Müller A.H., Lundqvist J., Ahmannet K., Dockter C., Matyszcak I., Kurowska M., Druka A., Waugh R., Graner A., Stein N., Steuernagel B., Lundqvist U., Hansson M. Induced mutations in circadian clock regulator *Mat-a* facilitated short-season adaptation and range extension in cultivated barley. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*. 2012;109(11):4326-4331. DOI: 10.1073/pnas.1113009109

### Информация об авторах

**Татьяна Вячеславовна Семилет**, младший научный сотрудник, лаборатория постгеномных исследований, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова (ВИР), 190000 Россия, Санкт-Петербург, ул. Большая Морская, 42, 44, t.semilet@vir.nw.ru, <https://orcid.org/0000-0001-7275-3878>

**Наталья Альбертовна Швачко**, кандидат биологических наук, ведущий научный сотрудник, заведующая, лаборатория постгеномных исследований, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова (ВИР), 190000 Россия, Санкт-Петербург, ул. Большая Морская, 42, 44, n.shvachko@vir.nw.ru, <https://orcid.org/0000-0002-1958-5008>

**Ольга Николаевна Ковалева**, кандидат биологических наук, ведущий научный сотрудник, отдел генетических ресурсов растений овса, ржи, ячменя, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова (ВИР), 190000 Россия, Санкт-Петербург, ул. Большая Морская, 42, 44, o.kovaleva@vir.nw.ru, <https://orcid.org/0000-0002-3990-6526>

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

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

### Information about the authors

**Tatiana V. Semilet**, Junior Research Associate, Laboratory of Postgenomic Research, N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources (VIR), 42, 44, Bolshaya Morskaya Street, St. Petersburg, 190000 Russia, t.semilet@vir.nw.ru, <https://orcid.org/0000-0001-7275-3878>

**Natalia A. Shvachko**, Cand. Sci. (Biology), Leading Researcher, Head, Laboratory of Postgenomic Research, N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources (VIR), 42, 44, Bolshaya Morskaya Street, St. Petersburg, 190000 Russia, n.shvachko@vir.nw.ru, <https://orcid.org/0000-0002-1958-5008>

**Olga N. Kovaleva**, Cand. Sci. (Biology), Leading Researcher, Department of Genetic Resources of Oats, Rye, Barley, N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources (VIR), 42, 44, Bolshaya Morskaya Street, St. Petersburg, 190000 Russia, o.kovaleva@vir.nw.ru, <https://orcid.org/0000-0002-3990-6526>

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

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

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

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

**Конфликт интересов:** авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

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

Статья поступила в редакцию 12.05.2024; одобрена после рецензирования 15.06.2024; принята к публикации 19.06.2024.

The article was submitted on 12.05.2024; approved after reviewing on 15.06.2024; accepted for publication on 19.06.2024.

Краткое сообщение

УДК 575:60:378(092)

DOI: 10.30901/2658-6266-2024-2-05



## К юбилею почетного президента Вавиловского общества генетиков и селекционеров академика Сергея Георгиевича Инге-Вечтомова

А. А. Нижников<sup>1,2,3</sup>, И. С. Бузовкина<sup>1,2</sup>, Е. К. Хлесткина<sup>1,4</sup>, И. А. Тихонович<sup>1,2,3</sup>

<sup>1</sup>Вавиловское общество генетиков и селекционеров, Санкт-Петербург, Россия

<sup>2</sup>Санкт-Петербургский государственный университет, Санкт-Петербург, Россия

<sup>3</sup>Всероссийский научно-исследовательский институт сельскохозяйственной микробиологии, Санкт-Петербург, Россия

<sup>4</sup>Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова, Санкт-Петербург, Россия

**Автор, ответственный за переписку:** Антон Александрович Нижников, a.nizhnikov@spbu.ru

4 апреля 2024 года выдающемуся ученому-генетику и педагогу, почетному Президенту Вавиловского общества генетиков и селекционеров, почетному профессору СПбГУ, члену Академического совета ВИР академику РАН Сергею Георгиевичу Инге-Вечтомову исполнилось 85 лет. С.Г. Инге-Вечтомов известен как один из классиков генетики дрожжей-сахаромицетов, им внесен значительный вклад в изучение регуляции терминации трансляции у эукариот и феномена белковой наследственности. Сергей Георгиевич является автором ряда учебников по генетике, получивших значительное признание. Он более сорока лет возглавлял старейшую кафедру генетики в нашей стране – кафедру генетики и биотехнологии СПбГУ, создал ведущую научную и педагогическую школу, подготовил целую плеяду учеников, возглавляющих научные коллективы не только в России, но и за рубежом. С.Г. Инге-Вечтомов ведет большую организационную работу, он внес значительный вклад в создание Вавиловского общества генетиков и селекционеров, в организацию и проведение ряда Съездов ВОГиС, и является в настоящее время его почетным президентом. С.Г. Инге-Вечтомов является членом редколлегий ряда изданий, но важнейшим результатом его редакционной деятельности стало создание журнала «Экологическая генетика», активно развивающегося в настоящее время. Коллеги и друзья, представители генетического научного сообщества, исследователи, студенты и преподаватели желают Сергею Георгиевичу неиссякаемой энергии, здоровья, отличного настроения и новых достижений в науке и образовательной деятельности.

**Ключевые слова:** терминация трансляции, прионы, альфа-тест, экологическая генетика, поливариантность матричных процессов, генетическое образование, история генетики, дрожжи

**Для цитирования:** Нижников А.А., Бузовкина И.С., Хлесткина Е.К., Тихонович И.А. К юбилею почетного президента Вавиловского общества генетиков и селекционеров академика Сергея Георгиевича Инге-Вечтомова. *Биотехнология и селекция растений*. 2024;7(2):75-82. DOI: 10.30901/2658-6266-2024-2-05

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

© Нижников А.А., Бузовкина И.С., Хлесткина Е.К., Тихонович И.А., 2024

## Brief communication

DOI: 10.30901/2658-6266-2024-2-o5

## On the Anniversary of the Honorary President of the Vavilov Society of Geneticists and Breeders, Academician Sergei Georgievich Inge-Vechtomov

Anton A. Nizhnikov<sup>1,2,3</sup>, Irina S. Buzovkina<sup>1,2</sup>, Elena K. Khlestkina<sup>1,4</sup>, Igor A. Tikhonovich<sup>1,2,3</sup><sup>1</sup>Vavilov Society of Geneticists and Breeders, St. Petersburg, Russia<sup>2</sup>St. Petersburg State University, St. Petersburg, Russia<sup>3</sup>All-Russia Research Institute for Agricultural Microbiology, Pushkin, St. Petersburg, Russia<sup>4</sup>N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources, St. Petersburg, Russia**Corresponding author:** Anton A. Nizhnikov, a.nizhnikov@spbu.ru

On April 4, 2024, the outstanding geneticist and teacher, Honorary President of the Vavilov Society of Geneticists and Breeders, Honorary Professor of St. Petersburg State University, Member of the Academic Council of VIR, Academician of the Russian Academy of Sciences Sergei Georgievich Inge-Vechtomov turned 85 years old. S.G. Inge-Vechtomov is known as an eminent scientist in the field of *Saccharomyces* yeast genetics; he has made a significant contribution to the study of the regulation of translation termination in eukaryotes and the phenomenon of protein inheritance. Sergei Georgievich is the author of a number of textbooks on genetics that have received significant recognition. For more than forty years he was the Head of the oldest department of genetics in our country – the Department of Genetics and Biotechnology of St. Petersburg State University, established a leading scientific and pedagogical school, trained a number of disciples who now lead scientific teams not only in Russia, but also abroad. S.G. Inge-Vechtomov does a lot of organizational work, he made a significant contribution to the creation of the Vavilov Society of Geneticists and Breeders, to the organization and holding of a number of Vavilov Society congresses, and is currently its Honorary President. S.G. Inge-Vechtomov is a member of editorial boards of a number of journals, but the most important result of his editorial activities was the creation of the journal “Ecological Genetics,” which is currently actively developing. Colleagues and friends, members of the genetic scientific community, researchers, students and professors wish Sergei Georgievich inexhaustible energy, health, good mood and new achievements in science and educational activities.

**Keywords:** translation termination, prions, alpha test, ecological genetics, polyvariance of matrix processes, genetic education, history of genetics, yeast

**For citation:** Nizhnikov A.A., Buzovkina I.S., Khlestkina E.K., Tikhonovich I.A. On the anniversary of the Honorary President of the Vavilov Society of Geneticists and Breeders, Academician Sergei Georgievich Inge-Vechtomov. *Plant Biotechnology and Breeding*. 2024;7(2):75-82. (In Russ.). DOI: 10.30901/2658-6266-2024-2-o5

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

© Nizhnikov A.A., Buzovkina I.S., Khlestkina E.K., Tikhonovich I.A., 2024

4 апреля 2024 года выдающемуся ученому и педагогу, почетному профессору Санкт-Петербургского государственного университета, почетному президенту Вавиловского общества генетиков и селекционеров (ВОГиС), академику РАН Сергею Георгиевичу Инге-Вечтомову исполнилось 85 лет (Outstanding geneticist..., 2024). Сергей Георгиевич родился в Ленинграде в семье писателей Юрия (Георгия) Алексеевича Инге и Елены Андреевны Вечтомовой. Отец Сергея погиб в 1941 году во время Таллинской операции Великой Отечественной Войны, а Сергей с матерью и бабушкой всю блокаду провёл в Ленинграде, и печать этих дней навсегда осталась: «После тех испытаний быть излишне разборчивым неприлично».

В 1956 году после окончания школы № 222 (ныне школе возвращено историческое название «Петришule») жизнь Сергея Георгиевича становится неразрывно связанной с Ленинградским, а затем Санкт-Петербургским госуниверситетом: студенчество, аспирантура, работа и, начиная со студенческих лет, – наука. Генетикой он увлекся на практике уже после первого курса, когда понял, что генетика объединяет основные направления биологии. 1965 год – защита кандидатской диссертации «Исследование прямых мутаций и реверсий по признаку потребности в аденине у дрожжей». В 1967/1968 гг. – стажировка в Йельском университете (Нью-Хэйвен, Коннектикут, США). Остаться в Америке он не захотел, хотя и предлагали (Outstanding geneticist..., 2024).

По возвращении из США С.Г. Инге-Вечтомов возглавил лабораторию физиологической генетики в Ленинградском (ныне Санкт-Петербургском) государственном университете, в 1971 году он защитил докторскую диссертацию «Структура, функция и взаимодействие генов у дрожжей». После ухода из жизни Учителя – Михаила Ефимовича Лобашёва, и после защиты докторской, Сергей Георгиевич возглавил кафедру Генетики и селекции (ныне – Генетики и биотехнологии) в 1973 и трудился на этом поприще сорок три года (Рис. 1-4) (Outstanding geneticist..., 2024).

Сергей Георгиевич с огромной ответственностью относился и относится ко всем сторонам научной работы, особое значение придавая подготовке кадров в области генетики, а также научно-организационной работе. В 1992 году при его активном участии было создано крупнейшее генетико-селекционное научное общество нашей страны – Вавиловское общество генетиков и селекционеров (ВОГиС), объединившее генетиков и селекционеров России в постсоветский период, почетным Президентом которого Сергей Георгиевич является (Рис. 5). В середине восьмидесятых С.Г. Инге-Вечтомов (декан биолого-почвенного факультета с 1980 по 1989) вместе с М.Н. Смирновым и Д.В. Осиповым приложили большие усилия по строительству Корпуса молекулярной генетики и молекулярной биологии в Старом Петергофе – он стал одной из научных баз генетиков СПбГУ. На протяжении длительного времени Сергей Георгиевич являлся заместителем председателя президиума Санкт-Петербургского науч-

ного центра РАН, и с 2016 до 2022 года был директором организованного по его инициативе Санкт-Петербургского филиала Института общей генетики им. Н.И. Вавилова РАН (Outstanding geneticist..., 2024).

Область научных интересов С.Г. Инге-Вечтомова затрагивает разные аспекты молекулярной, экологической генетики, генетики микроорганизмов и общей биологии. Исследования С.Г. Инге-Вечтомова посвящены проблеме гена. Им был сформулирован принцип поливариантности матричных процессов, рассматривающий с единых позиций механизмы изменчивости при воспроизведении и реализации генетической информации. Эти исследования были начаты в 1960-х годах на новой для того времени генетической модели – дрожжах-сахаромицетах. Сергей Георгиевич выявил гены, кодирующие факторы терминации трансляции у эукариот, расшифровал механизм эпигенетического контроля эффективности трансляции и разработал удобную модель для изучения возникновения и поиска лечения прионных заболеваний. Прионы – это инфекционные белки, ответственные за развитие у некоторых позвоночных неизлечимых патологий нервной системы. Несмотря на то, что эффективных способов лечения прионных болезней пока не предложено, исследования научного коллектива, возглавляемого С.Г. Инге-Вечтомовым, внесли большой вклад в понимание фундаментальных основ явления белковой наследственности, лежащего в основе развития прионных заболеваний. Научные работы С.Г. Инге-Вечтомова расширили существующие представления о значении матричного принципа в биологии, заложенного в конце 20-х годов XX века Н.К. Кольцовым и воплощенного в Центральной догме молекулярной биологии Ф. Крика (50-70 годы XX века) (Inge-Vechtomov, 2013; Nizhnikov et al., 2014; Zadorsky et al., 2015; Inge-Vechtomov, 2015a; b; d; 2020; Nizhnikov et al., 2015; Drozdova et al., 2016; Nizhnikov et al., 2016a; b; Antonets et al., 2017; Zhuk et al., 2017; Chernoff et al., 1995; Zhouravleva et al., 1995; Derkatch et al., 2000).

Последовательное развитие представлений о генетических аспектах взаимодействия различных организмов в природе, наследственности и изменчивости в контексте различных типов экологических отношений, в дальнейшем переросло в развитие целого направления – экологической генетики. По инициативе Сергея Георгиевича в 1998 году кафедра и Президиум Вавиловского общества генетиков и селекционеров провели I Всероссийскую школу молодых ученых «Экологическая генетика» (с того момента состоялись 7 школ-конференций по данному направлению). А в 2003 году опять же по инициативе С.Г. Инге-Вечтомова создан журнал «Экологическая генетика», который со временем стал одним из ведущих генетических журналов России (Outstanding geneticist..., 2024).

Сергей Георгиевич продолжил традиции своих предшественников и много потрудился как лектор и как автор целого ряда монографий и учебников. Начало было поло-

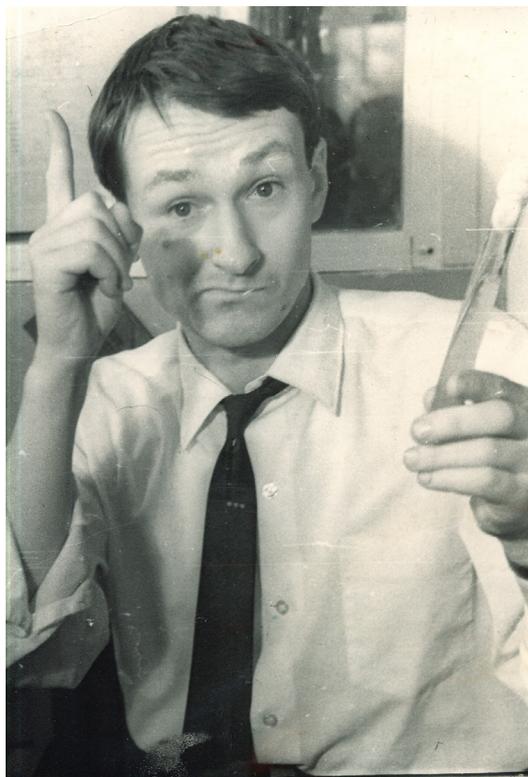
жено еще при подготовке первого учебника для возрождающейся генетики: Михаил Ефимович Лобашёв привлек к написанию «Генетики» (1963 г.) своих учеников, среди которых был и Сергей Георгиевич. А в 1989 году выходит классический учебник Сергея Георгиевича «Генетика с основами селекции», по которому училось множество студентов СССР, а потом и России. В 2010 и 2015 годах выходят уже существенно переработанные издания этого учебника (Inge-Vechtomov, 2015a). Сергей Георгиевич подходит к образованию студентов как к сложной системе, в которой важную составляющую играет и гуманитарный блок. Он разработал курс, а потом написал и учебник-монографию «Ретроспектива генетики», рассматривая особенности развития генетики через призму истории (Рис. 6) (Inge-Vechtomov, 2015b; 2020; Outstanding geneticist..., 2024).

Большая научная и научно-педагогическая деятельность С.Г. Инге-Вечтомова получила заслуженное признание: он удостоен премии им. Ленинского Комсомола в 1973 году за цикл научных работ, премии Ленинградского государственного университета в 1986 году за учебное пособие «Введение в молекулярную генетику» (1983), почетной грамоты и премии Санкт-Петербургского государственного университета в 1995 году «За высокое педа-

гогическое мастерство», премии Правительства Российской Федерации за серию учебников по генетике для студентов биологических специальностей высших учебных заведений под редакцией С.Г. Инге-Вечтомова: С.Г. Инге-Вечтомов «Генетика с основами селекции» (1989), В.Г. Смирнов «Цитогенетика» (1991), Л.З. Кайданов «Генетика популяций» (1996). Заслуженный деятель науки РФ с 1999 года, в 2003 году С.Г. Инге-Вечтомов избран действительным членом РАН (академик) по Отделению биологических наук, 2015 – благодарность Президента Российской Федерации за заслуги в развитии культуры, образования, науки (Outstanding geneticist..., 2024).

Широкая эрудиция, яркий талант ученого и педагога, внутренняя дисциплина, внимательное отношение к людям определяют тот авторитет и уважение, которыми пользуется Сергей Георгиевич среди своих коллег.

Сотрудники и выпускники кафедры генетики и биотехнологии, ученики и соратники, члены Вавиловского общества генетиков и селекционеров с благодарностью поздравляют Сергея Георгиевича Инге-Вечтомова с юбилеем! Мы ценим все годы, которые проработали под Вашим руководством, мы ценим нынешние годы, когда Вы остаетесь нашим вдохновителем и наставником!



**Рис. 1. Молодой ученый (1960-е годы).**

(Фото из архива кафедры генетики и биотехнологии СПбГУ)

**Fig. 1. Young scientist (1960s).**

(Photo from the archives of the Department of Genetics and Biotechnology of St. Petersburg State University)



**Рис. 2. С.Г. Инге-Вечтомов в Корпусе Молекулярной генетики и молекулярной биологии СПбГУ, 2000 год**

(Фото из архива кафедры генетики и биотехнологии СПбГУ)

**Fig. 2. S.G. Inge-Vechtsov in the Molecular Genetics and Molecular Biology Building of St. Petersburg State University, 2000.**

(Photo from the archives of the Department of Genetics and Biotechnology of St. Petersburg State University)



**Рис. 3. Профессор читает лекцию по Общей генетике в 133 аудитории Биологического факультета СПбГУ, 17 ноября 2009 года**

(Фото из архива кафедры генетики и биотехнологии СПбГУ)

**Fig. 3. Professor gives a lecture in General Genetics in lecture hall 133 of the Biological Faculty, St. Petersburg State University, November 17, 2009**

(Photo from the archives of the Department of Genetics and Biotechnology of St. Petersburg State University)



**Рис. 4. С.Г. Инге-Вечтомов на VII Съезде ВОГиС, посвященном 100-летию кафедры генетики и биотехнологии СПбГУ (Фото из архивов Съезда ВОГиС, <https://events.spbu.ru/events/genetic-selection-2019>).**

**Fig. 4. S.G. Inge-Vechtomov at the VII Congress of the Vavilov Society of Geneticists and Breeders, dedicated to the 100th anniversary of the Department of Genetics and Biotechnology of St. Petersburg State University (Photo from the archives of the Congress, <https://events.spbu.ru/events/genetic-selection-2019>).**



**Рис. 5. С.Г. Инге-Вечтомов на юбилейной Всероссийской конференции с международным участием «50 лет ВОГиС: успехи и перспективы», посвященной 50-летию ВОГиС (8-10 ноября 2016 г.). С.Г. Инге-Вечтомов беседует с д.б.н. Еленой Владимировной Савватеевой-Поповой. На заднем плане в центре – академик РАН Сергей Васильевич Шестаков (Фото из архива А.А. Нижникова).**

**Fig. 5. Fig. 5. S.G. Inge-Vechtomov at the Jubilee All-Russian Conference with international participation “50 years of the Vavilov Society of Geneticists and Breeders: achievements and prospects”, dedicated to the 50th anniversary of the Vavilov Society of Geneticists and Breeders (November 8-10, 2016).**

S.G. Inge-Vechtomov talks with Elena Vladimirovna Savvateeva-Popova, Dr. Biol. Sci. In the background center is Sergey Vasilyevich Shestakov, Acad. of the Russian Academy of Sciences (Photo from archives of A.A. Nizhnikov).



**Рис. 6. Основные учебники С.Г. Инге-Вечтомова**  
(Фото из архива кафедры генетики и биотехнологии СПбГУ).

**Fig. 6. Main textbooks by S.G. Inge-Vechtomov**

(Photo from the archives of the Department of Genetics and Biotechnology of St. Petersburg State University)

## References/Литература

- Antonets K.S., Kliver S.F., Poley D.E., Shuvalova A.R., Andreeva E.A., Inge-Vechtomov S.G., Nizhnikov A.A. Distinct mechanisms of phenotypic effects of inactivation and prionization of Swi1 protein in *Saccharomyces cerevisiae*. *Biochemistry (Moscow)*. 2017;82(10):1147-1157. DOI: 10.1134/S0006297917100078
- Chernoff Y.O., Lindquist S.L., Ono B.-I., Inge-Vechtomov S.G., Liebman S.W. Role of the chaperone protein Hsp104 in propagation of the yeast prion-like factor [*psi*<sup>+</sup>]. *Science*. 1995;268(5212):880-884. DOI: 10.1126/science.7754373
- Derkatch I.L., Bradley M.E., Masse S.V.L., Zadorsky S.P., Polozkov G.V., Inge-Vechtomov S.G., Liebman S.W. Dependence and independence of [*PSI*<sup>+</sup>] and [*PIN*<sup>+</sup>]: a two-prion system in yeast? *EMBO Journal*. 2000;19:1942-1952. DOI: 10.1093/emboj/19.9.1942
- Drozdova P.B., Tarasov O.V., Matveenko A.G., Radchenko E.A., Sopova J.V., Poley D.E., Inge-Vechtomov S.G., Dobrynin P.V. Genome sequencing and comparative analysis of *Saccharomyces cerevisiae* strains of the Peterhof Genetic Collection. *PLoS ONE*. 2016;11(5):e0154722. DOI: 10.1371/journal.pone.0154722
- Inge-Vechtomov S.G. Genetics with the Basics of Breeding (Genetika s osnovami selektsii). 3<sup>rd</sup> ed. St. Petersburg: N-L Publishing house; 2015a. [in Russian] (Инге-Вечтомов С.Г. Генетика с основами селекции. 3-е изд. Санкт-Петербург: Издательство Н-Л; 2015a).
- Inge-Vechtomov S.G. Genetics in retrospect. St. Petersburg: N-L Publishing house; 2015b. [in Russian] (Инге-Вечтомов С.Г. Ретроспектива генетики. Санкт-Петербург: Издательство Н-Л; 2015b).
- Inge-Vechtomov S.G. Genetics in retrospect. 2<sup>nd</sup> ed. corr. and suppl. St. Petersburg: Eco-Vector; 2020. [in Russian] (Инге-Вечтомов С.Г. Ретроспектива генетики. 2-е изд., испр. и доп. Санкт-Петербург: Эко-Вектор; 2020).
- Inge-Vechtomov S.G. From chromosome theory to the template principle. *Russian Journal of Genetics*. 2015d;51(4):323-333. DOI: 10.1134/S1022795415040079
- Inge-Vechtomov S.G. The template principle: paradigm of modern genetics. *Russian Journal of Genetics*. 2013;49(1):4-9. DOI: 10.1134/S1022795413010055
- Nizhnikov A.A., Antonets K.S., Inge-Vechtomov S.G. Amyloids: from pathogenesis to function. *Biochemistry (Moscow)*. 2015;80(9):1127-1144. DOI: 10.1134/S0006297915090047
- Nizhnikov A.A., Antonets K.S., Inge-Vechtomov S.G., Derkatch I.L. Modulation of efficiency of translation termination in *Saccharomyces cerevisiae*. *Prion*. 2014;8(3):247-260. DOI: 10.4161/pri.29851
- Nizhnikov A.A., Antonets K.S., Bondarev S.A., Inge-Vechtomov S.G., Derkatch I.L. Prions, amyloids, and RNA: Pieces of a puzzle. *Prion*. 2016a;10(3):182-206. DOI: 10.1080/19336896.2016.1181253
- Nizhnikov A.A., Ryzhova T.A., Volkov K.V., Zadorsky S.P., Sopova J.V., Inge-Vechtomov S.G., Galkin A.P. Interaction of prions causes heritable traits in *Saccharomyces cerevisiae*. *PLoS Genetics*. 2016b;12(12):e1006504. DOI: 10.1371/journal.pgen.1006504
- Outstanding geneticist, Honorary Professor of St. Petersburg State University, Academician Sergei Georgievich Inge-Vechtomov celebrates his 85th birthday (Vydayushchiysya genetik, pochetnyi professor SPbGU, akademik Sergey Georgiyevich Inge-Vechtomov otmechayet 85-letiyе). *St Petersburg University: [website]*. 2024. [The publication is based on materials prepared by I.S. Buzovkina and A.A. Nizhnikov using the archives of the Department of Genetics and Biotechnology of St. Petersburg State University]. [in Russian] (Выдающийся генетик, почетный профессор СПбГУ, академик Сергей Георгиевич Инге-Вечтомов отмечает 85-летие. *Санкт-Петербургский государственный университет: [сайт]*. 2024. [Публикация основана на материалах, подготовленных И.С. Бузовкиной и А.А. Нижниковым с использованием архива кафедры генетики и биотехнологии СПбГУ]). URL: <https://spbu.ru/news-events/novosti/vydayushchiysya-genetik-pochetnyu-professor-spbgu-akademik-sergey-georgiyevich> [дата публикации: 04.04.2024].
- Zadorsky S.P., Sopova Y.V., Andreichuk D.Y., Startsev V.A., Medvedeva V.P., Inge-Vechtomov S.G. Chromosome VIII disomy influences the nonsense suppression efficiency and transition metal tolerance of the yeast *Saccharomyces cerevisiae*. *Yeast*. 2015;32(6):479-497. DOI: 10.1002/yea.3074
- Zhouravleva G., Frolova L., Le Goff X., Le Guellec R., Inge-Vechtomov S., Kisselev L., Philippe M. Termination of translation in eukaryotes is governed by two interacting polypeptide chain release factors, eRF1 and eRF3. *EMBO Journal*. 1995;14(16):4065-4072. DOI: 10.1002/j.1460-2075.1995.tb00078.x
- Zhuk A.S., Stepchenkova E.I., Pavlov Y.I., Inge-Vechtomov S.G. Evaluation of methods of synchronization of cell division in yeast *Saccharomyces cerevisiae*. *Cell and Tissue Biology*. 2017;11(2):111-122. DOI: 10.1134/S1990519X17020110

---

### *Информация об авторах*

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

**Ирина Сергеевна Бузовкина**, кандидат биологических наук, старший преподаватель, кафедра генетики и биотехнологии, Санкт-Петербургский государственный университет, 199034 Россия, Санкт-Петербург, Университетская наб., 7/9, i.buzovkina@spbu.ru, <https://orcid.org/0000-0001-5219-2102>

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

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

### *Information about the authors*

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

**Irina S. Buzovkina**, Cand. Sci. (Biology), Senior Lecturer, Department of Genetics and Biotechnology, St. Petersburg State University, 199034 Russia, St. Petersburg, Universitetskaya Embankment, 7/9, i.buzovkina@spbu.ru, <https://orcid.org/0000-0001-5219-2102>

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

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

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

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

**Конфликт интересов:** авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

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

Статья поступила в редакцию 16.04.2024; одобрена после рецензирования 27.04.2024; принята к публикации 13.05.2024.

The article was submitted on 16.04.2024; approved after reviewing on 27.04.2024; accepted for publication on 13.05.2024.

Краткое сообщение

УДК 575:60:61:579.25:631.52:636.082(063)

DOI: 10.30901/2658-6266-2024-2-04



## Об итогах VIII Съезда Вавиловского общества генетиков и селекционеров

И. А. Тихонович<sup>1,2</sup>, А. В. Кочетов<sup>2,3</sup>, Е. К. Хлесткина<sup>2,4</sup>, А. А. Нижников<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup>Санкт-Петербургский государственный университет, Санкт-Петербург, Россия

<sup>2</sup>Вавиловское общество генетиков и селекционеров, Санкт-Петербург, Россия

<sup>3</sup>Федеральный исследовательский центр Институт цитологии и генетики СО РАН, Новосибирск, Россия

<sup>4</sup>Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова, Санкт-Петербург, Россия

**Автор, ответственный за переписку:** Антон Александрович Нижников, a.nizhnikov@spbu.ru

Международный конгресс «VIII съезд Вавиловского общества генетиков и селекционеров, посвященный 300-летию Российской науки и высшей школы», состоялся в Саратове 14-19 июня 2024 года. Программа Съезда включала 20 симпозиумов, 4 круглых стола и III Форум «Генетические ресурсы России». Участниками Съезда стали более 700 исследователей из России и дружественных зарубежных стран. В рамках научной программы Съезда были представлены около 300 устных и 400 постерных докладов. На мероприятиях Съезда были всесторонне обсуждены результаты актуальных исследований в области генетики, селекции и биотехнологии, биоинформатики и системной биологии, медицинской генетики, симбиогенетики, экологической и эволюционной генетики. Были подняты вопросы биоэтики, правовых и социальных аспектов генетических и геномных исследований, взаимодействия науки с бизнес-сообществом. Отдельное внимание было уделено вопросам истории генетики. VIII съезд ВОГиС прошел в историческом месте, прочно связанном с именем Николая Ивановича Вавилова, сформулировавшего Закон гомологических рядов в наследственной изменчивости, описавшего Центры происхождения культурных растений и собравшего одну из крупнейших в мире биологических коллекций. Съезд приветствовал принятие 18.06.2024 года Государственной Думой Российской Федерации в первом чтении закона «О биоресурсных центрах и биологических (биоресурсных) коллекциях» и подчеркнул важность его окончательного принятия и вступления в силу, отметив, что биологические коллекции – фундаментальная основа научно-технологических цепочек, а их сохранение, развитие, изучение и использование – важный фактор успешной реализации Стратегии научно-технологического развития Российской Федерации. Съезд обсудил вопросы генетического, биотехнологического и селекционного образования в Российской Федерации, а также заслушал и одобрил Концепцию развития биологического образования, направленную на реализацию национальных целей Российской Федерации на период до 2030 года и на перспективу до 2036 года.

**Ключевые слова:** генетика, генетическое образование, генетические ресурсы, история генетики, популяризация генетики, селекция, биотехнология, биоинформатика

**Для цитирования:** Тихонович И.А., Кочетов А.В., Хлесткина Е.К., Нижников А.А. Об итогах VIII съезда Вавиловского общества генетиков и селекционеров. *Биотехнология и селекция растений*. 2024;7(2):83-96. DOI: 10.30901/2658-6266-2024-2-04

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

© Тихонович И.А., Кочетов А.В., Хлесткина Е.К., Нижников А.А., 2024

## Brief communication

DOI: 10.30901/2658-6266-2024-2-04

## On the Results of the VIII Congress of the Vavilov Society of Geneticists and Breeders

Igor A. Tikhonovich<sup>1,2</sup>, Alexey V. Kochetov<sup>2,3</sup>, Elena K. Khlestkina<sup>2,4</sup>, Anton A. Nizhnikov<sup>1,2</sup><sup>1</sup>St. Petersburg State University, St. Petersburg, Russia<sup>2</sup>Vavilov Society of Geneticists and Breeders, St. Petersburg, Russia<sup>3</sup>Institute of Cytology and Genetics SB RAS, Novosibirsk, Russia<sup>4</sup>N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources, St. Petersburg, Russia**Corresponding author:** Anton A. Nizhnikov, a.nizhnikov@spbu.ru

The International Congress “VIII Congress of the Vavilov Society of Geneticists and Breeders dedicated to the 300th anniversary of Russian science and higher education” was held in Saratov, June 14-19, 2024. The Congress program comprised 20 symposia, four round tables and the III Forum “Genetic Resources of Russia”. More than 700 researchers from Russia and friendly foreign countries took part in the Congress. As part of the scientific program of the Congress, about 300 oral and 400 poster presentations were made. The Congress events provided a platform for a comprehensive discussion of the results of current research in the fields of genetics, breeding and biotechnology, bioinformatics and systems biology, medical genetics, symbiogenetics, ecological and evolutionary genetics. The issues of bioethics, legal and social aspects of genetic and genomic research, and interaction between science and the business community were raised. Particular attention was given to questions of the history of genetics. The VIII Congress of Vavilov Society of Geneticists and Breeders (VOGIS) was held in a historical place, firmly associated with the name of Nikolai Ivanovich Vavilov, who formulated the law of homologous series in variation, described the Centers of Origin of Cultivated Plants and assembled one of the largest biological collections in the world. The Congress welcomed the adoption in the first reading of the law “On bioresource centers and biological (bioresource) collections” by the State Duma of the Russian Federation on 18.06.2024 and emphasized the importance of its final adoption and entry into force, noting that biological collections are the fundamental basis of scientific and technological chains, and their preservation, development, study and use are an important factor in the successful implementation of the Strategy for Scientific and Technological Development of the Russian Federation. The Congress discussed issues of education in the spheres of genetics, biotechnology and breeding in the Russian Federation, and also listened to and approved the Concept for the Development of Biological Education, aimed at implementing the goals of the Russian Federation through 2030 and for the future until 2036.

**Keywords:** genetics, education in genetics, genetic resources, history of genetics, popularization of genetics, breeding, biotechnology, bioinformatics

**For citation:** Tikhonovich I.A., Kochetov A.V., Khlestkina E.K., Nizhnikov A.A. On the Results of the VIII Congress of the Vavilov Society of Geneticists and Breeders. *Plant Biotechnology and Breeding*. 2024;7(2):83-96. (In Russ.). DOI: 10.30901/2658-6266-2024-2-04

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

© Tikhonovich I.A., Kochetov A.V., Khlestkina E.K., Nizhnikov A.A., 2024

## I. Общая информация о научной программе VIII Съезда ВОГиС

VIII съезд Вавиловского общества генетиков и селекционеров, посвященный 300-летию Российской науки и высшей школы, прошел 14-19 июня 2024 года. Местом проведения VIII Съезда ВОГиС был выбран г. Саратов, прочно связанный с именем Николая Ивановича Вавилова, где он работал в течение четырех лет вплоть до переезда в Петроград в 1921 году, когда возглавил Бюро по прикладной ботанике (ныне – Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова, далее ВИР). Именно в Саратове, в Большой физической аудитории Саратовского университета (ныне – Саратовский национальный исследовательский государственный университет имени Н.Г. Чернышевского, далее СГУ). Николай Иванович представил 4 июня 1920 года сформулированный им Закон гомологических рядов в наследственной изменчивости. В Саратове в 1943 году трагически оборвалась жизнь Н.И. Вавилова. А ровно тридцать лет назад, в 1994 году, в стенах СГУ прошел учредительный Съезд Вавиловского общества генетиков и селекционеров (Inge-Vechtomov, 1997). Нынешний, VIII Съезд ВОГиС, был приурочен к 300-летию Российской академии наук (РАН), 300-летию Санкт-Петербургского государственного университета (СПбГУ) и 115-летию СГУ.

Основными организаторами VIII Съезда стали ВОГиС, Минобрнауки России, РАН, университеты (СГУ, СПбГУ, Вавиловский университет) и научно-исследовательские институты (ВНИИСХМ, ВИР, ФАНЦ Юго-Востока и ИБФРМ РАН), а также Научный центр мирового уровня «Агротехнологии будущего» и Центр межрегионального инновационного развития (ИННО-МИР) (<https://congress.vogis.org/>).

Программа VIII Съезда включала 20 симпозиумов, 4 круглых стола и III Форум «Генетические ресурсы России» (табл. 1). Очное участие в Съезде приняли более 700 исследователей из России и дружественных зарубежных стран. На этих мероприятиях были в общей сложности представлены около 300 устных и 400 постерных докладов (International Congress..., 2024). Особое внимание в рамках программы VIII Съезда ВОГиС, согласно рекомендации, прозвучавшей в приветственной телеграмме помощника Президента Российской Федерации А.А. Фурсенко участникам Съезда, было уделено обсуждению актуальных вопросов генетического, биотехнологического и селекционного образования в Российской Федерации. Так, Съезд рассмотрел проект Концепции развития биологического образования в Российской Федерации, доложенный академиком М.П. Кирпичниковым. По итогам детального обсуждения Съезд рекомендовал поддержать предложенную Концепцию и проработать план ее реализации.

**Таблица 1. Научные направления и симпозиумы Съезда, круглые столы и ассоциированные мероприятия**

**Table 1. Scientific directions and symposia of the Congress, round tables and associated events**

Наименование/ Subject	Мероприятие/ Направление/ Event/ Direction	Основные темы для обсуждения/ Main topics for discussion
Матричный принцип и механизмы генетических процессов	Направление I работы Съезда	Симпозиум 1. Репликация, транскрипция, трансляция Симпозиум 6. Посттрансляционные процессы Симпозиум 11. Мутации, рекомбинация, репарация Симпозиум 16. Регуляция действия гена и эпигенетика
Экологическая и эволюционная генетика, симбиогенетика	Направление II работы Съезда	Симпозиум 2. Экологическая генетика и генетическая токсикология Симпозиум 7. Эволюционная генетика Симпозиум 12. Генетика надорганизменных систем Симпозиум 17. Популяционная генетика
Биоинформатика и системная биология	Направление III работы Съезда	Симпозиум 3. Геномная биоинформатика Симпозиум 8. Структурная и функциональная протеомика Симпозиум 13. Направленное изменение генетической информации Симпозиум 18. Системная биология
Медицинская генетика	Направление IV работы Съезда	Симпозиум 4. Медицинская генетика и моделирование болезней человека Симпозиум 9. Генетика человека Симпозиум 14. Дифференцировка и стволовые клетки Симпозиум 19. Генетика старения, поведения и нейрогенетика
Генетика и биотехнология	Направление V работы Съезда	Симпозиум 5. Селекция и биотехнология животных Симпозиум 10. Селекция и биотехнология растений Симпозиум 15. Проблемы селекции растений следующего поколения Симпозиум 20. Селекция и биотехнология микроорганизмов

Наименование/ Subject	Мероприятие/ Направление/ Event/ Direction	Основные темы для обсуждения/ Main topics for discussion
III Научный форум «Генетические ресурсы России»	Научный форум	1. Коллекции генетических ресурсов растений Российской Федерации и Национальный биоресурсный центр по данному профилю. 2. Биоресурсные коллекции СПбГУ как пример междисциплинарных университетских коллекций. 3. Биоресурсная коллекция биологических образцов пациентов с генетическими заболеваниями в диагностике и персонализированном лечении орфанных заболеваний. [и др.]
Вопросы генетического, биотехнологического и селекционного образования в Российской Федерации	Круглый стол	1. Концепция биологического образования в Российской Федерации. 2. Опыт сетевого взаимодействия СПбГУ в области генетического образования с НТУ «Сириус». 3. Сотрудничество кафедр генетики МГУ и СПбГУ: опыт и перспективы. [и др.]
Этические, правовые и социальные аспекты генетических и геномных исследований	Круглый стол	1. Гены, клетки, эмбрион – этические и правовые вызовы. 2. Биоэтическая диагностика, оценка и купирование социальных рисков геномных биомедицинских исследований. 3. Информированность научного сообщества о правовом и этическом регулировании геномных исследований. [и др.]
История генетики	Круглый стол	1. Хронологическая точка отсчета российской генетики. 2. Н.И. Вавилов. Экспедиция на Кавказ и в Закавказье в 1934 г. Новые источники. 3. О двух малоизвестных докладах Г.Д. Карпеченко. [и др.]
Взаимодействие науки с бизнесом	Круглый стол	1. Что академическая наука может предложить бизнесу. 2. Как академические учреждения участвуют в создании микробиологических препаратов, востребованных на рынке. 3. Как взаимодействие научных коллективов и компаний способствует созданию и выводу на рынок новых реактивов.

## II. Результаты делегатского собрания VIII Съезда ВОГиС, состоявшегося 18.06.2024

18 июня 2024 года в Большой физической аудитории Саратовского университета состоялось делегатское собрание VIII Съезда ВОГиС (рис. 1а, б). На открытии делегатского собрания был заслушан отчетный доклад Центрального совета ВОГиС, представленный президентом ВОГиС академиком РАН И.А. Тихоновичем.

На момент проведения VIII Съезда Вавиловское общество генетиков и селекционеров включало 31 региональное отделение общей численностью 2648 членов (рис. 2). На собрании были озвучены планы о расширении сети региональных отделений Общества.

В период между VII и VIII Съездами ВОГиС происходило совершенствование научно-организационной деятельности Общества, выработка новых форм работы. Несмотря на возникшие в 2020 – 2022 годах ограничения в связи с распространением новой коронавирусной инфекции, активность деятельности Общества не уменьшалась – были оперативно освоены форматы совещаний в удаленном формате. Всего за период с 2019 по 2024 годы под эгидой ВОГиС прошли более 80 научных меро-

приятий всероссийского, международного или регионального уровня. Ежегодно проводились Вавиловские чтения и регулярные Вавиловские семинары (Vavilov Seminar..., 2024).

Среди научных мероприятий ВОГиС за последние 5 лет заметными событиями стали два крупных форума «Генетические ресурсы России», состоявшиеся в Санкт-Петербурге в 2022 и 2023 годах (Tikhonovich et al., 2022; 2023). ВОГиС внес весомый вклад в формирование нормативного правового регулирования в сфере генетических ресурсов – предложения о необходимости отдельного федерального закона в сфере деятельности с биологическими коллекциями (Khlestkina et al., 2022; Tikhonovich et al., 2023) были учтены, члены Общества приняли активное участие в формировании основных положений проекта закона, и в день проведения делегатского собрания ВОГиС в Саратове, 18 июня 2024 года, в Москве в Государственной Думе Российской Федерации состоялось рассмотрение проекта Закона «О биоресурсных центрах и биологических (биоресурсных) коллекциях». Закон был единогласно принят в первом чтении (On Bioresource Centers..., 2024).



**Рис. 1а. Делегаты VIII Съезда Вавиловского общества генетиков и селекционеров после собрания в Большой физической аудитории Саратовского национального исследовательского государственного университета имени Н.Г. Чернышевского. 18 июня 2024 г.**

(фото Д. Ковшова, Управление медиакоммуникаций СГУ, URL: <https://ru.congress.vogis.org/wp-content/uploads/2024/07/18.06.24-delegatskoe-sobranie-vogis-upravlenie-mediakommunikaczij-sgu-dmitrij-kovshov-33.jpg>)

**Fig. 1a. Delegates of the VIII Congress of the Vavilov Society of Geneticists and Breeders after the meeting in the Large Physics Lecture Hall of the Saratov National Research State University named after N.G. Chernyshevsky. June 18, 2024.**

(photo by D. Kovshov, Media Communications Department of Saratov State University, URL: <https://ru.congress.vogis.org/wp-content/uploads/2024/07/18.06.24-delegatskoe-sobranie-vogis-upravlenie-mediakommunikaczij-sgu-dmitrij-kovshov-33.jpg>)

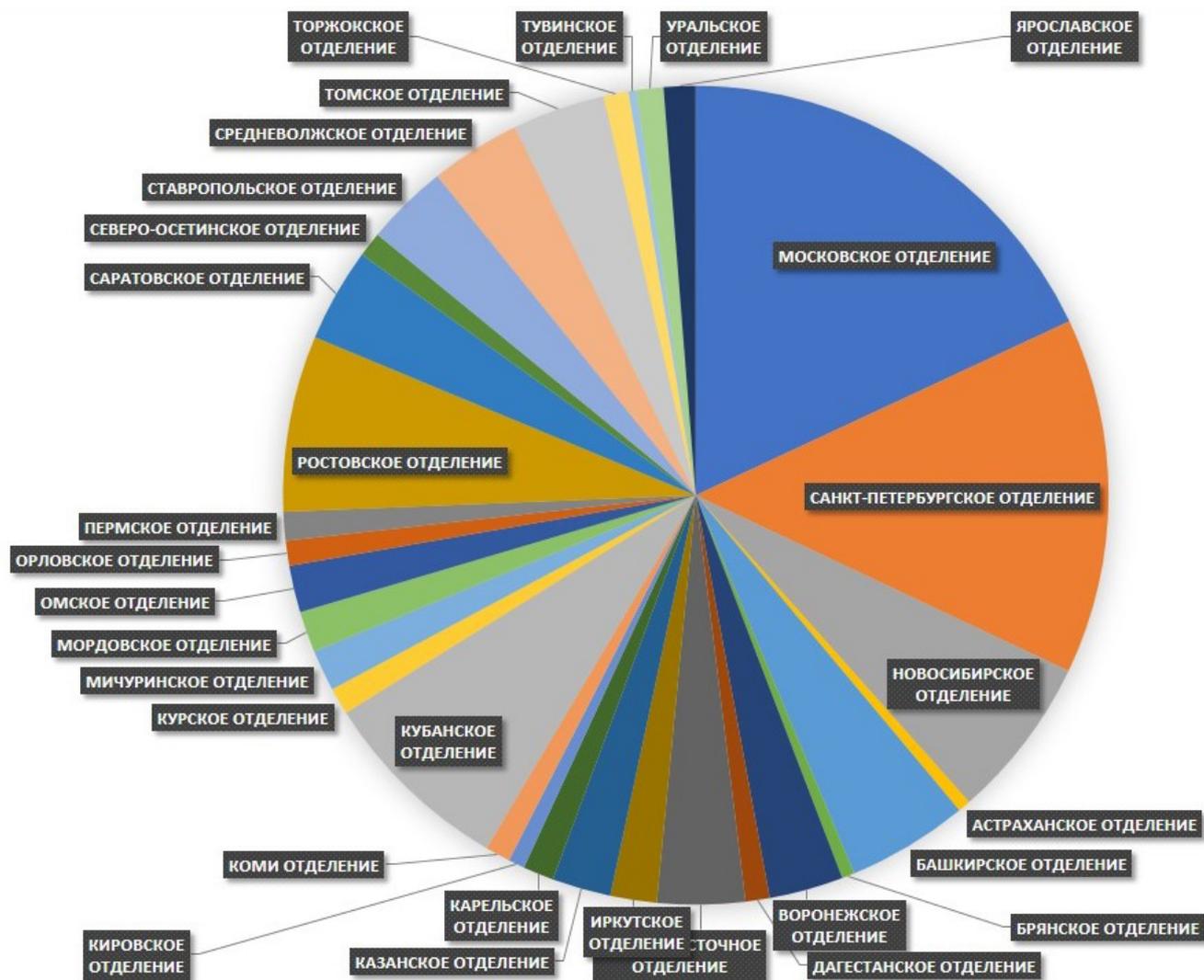


**Рис. 1б. Делегатское собрание VIII Съезда Вавиловского общества генетиков и селекционеров, Саратовский национальный исследовательский государственный университет имени Н.Г. Чернышевского. 18 июня 2024 г.**

(фото Д. Ковшова, Управление медиакоммуникаций СГУ, URL: <https://ru.congress.vogis.org/wp-content/uploads/2024/07/18.06.24-delegatskoe-sobranie-vogis-upravlenie-mediakommunikaczij-sgu-dmitrij-kovshov-36.jpg>)

**Fig. 1b. Delegate meeting of the VIII Congress of the Vavilov Society of Geneticists and Breeders, N.G. Chernyshevsky Saratov National Research State University. June 18, 2024.**

(photo by D. Kovshov, Media Communications Department of Saratov State University, URL: <https://ru.congress.vogis.org/wp-content/uploads/2024/07/18.06.24-delegatskoe-sobranie-vogis-upravlenie-mediakommunikaczij-sgu-dmitrij-kovshov-36.jpg>)



**Рис. 2. Распределение членов ВОГиС по региональным отделениям на 18.06.2024 г.**  
**Fig. 2. Distribution of VOGIS members among regional branches as of 18.06.2024**

Также из числа крупнейших конференций, прошедших за последние 5 лет под эгидой ВОГиС, можно отметить VI и VII международные конференции PlantGen в 2021 году в Новосибирске и 2023 году в Казани (Plant Genetics..., 2021, 2023), XII и XIII международные мультиконференции «Биоинформатика Геномной Регуляции и Структурной/Системной Биологии» – BGRS/SB в 2020 и 2022 годах в Новосибирске (Bioinformatics of Genome..., 2020; 2022).

Особое внимание в последние годы Общество стало уделять рассмотрению вопросов, касающихся роли генетических ресурсов и генетических технологий для развития северных территорий. Под эгидой ВОГиС совместно с РГО и другими со-организаторами в Санкт-Петербурге были проведены две одноименные конференции в 2021 и 2023 годах, в которых активное участие приняли исследователи из организаций, целенаправленно занимаю-

щихся в том числе изучением возможностей приложения генетических знаний к пониманию и решению проблем здоровьесбережения в условиях Крайнего Севера, северного земледелия и в целом частичного самообеспечения АЗРФ (Арктической зоны Российской Федерации): Томский НИМЦ РАН, ФИЦ ФТМ, ИОГен РАН, ИЦИГ СО РАН, ВНИИСХМ, ВИР, ВИЖ, СПбГУ и другие (Genetic Resources... 2021, 2023; Khlestkina et al., 2023).

ВОГиС и его члены – ключевые организаторы и участники процессов вузовской и послевузовской подготовки кадров в области генетики и селекции, популяризации научных достижений в этой сфере, внедрения знаний генетики и селекции в школьные основные и дополнительные образовательные программы. Некоторые из учебных изданий и образовательных программ, созданные при активном участии членов ВОГиС за последние пять лет, приведены в таблице 2.

**Таблица 2. Некоторые из учебных изданий и образовательных программ, изданных/разработанных при активном участии членов ВОГиС за последние пять лет**

**Table 2. Some of the educational publications and programs published/developed with the active participation of VOGIS members over the past five years**

Наименование/ Title	Краткое описание, год/ Brief description, year	Соавторы изданий / руководители программ/ Co-authors of publications / program managers
<b>Новые издания для школьного образования/ New publications for school education</b>		
Биология. 11 класс.	Учебник для общеобразовательных организаций. Углублённый уровень. Под редакцией В.К. Шумного, Г.М. Дымшица. Издательство: Просвещение. Москва, 2019. 383 с. ISBN 978-5-09-072176-9	П.М. Бородин, Г.М. Дымшиц, О.В. Саблина, М.Г. Сергеев, Е.К. Хлёткина, В.К. Шумный, Л.Н. Кузнецова
Естественно-научные предметы. Практическая молекулярная генетика для начинающих. 8-9 классы.	Учебное пособие для общеобразовательных организаций. Под редакцией П.М. Бородина, Е.Н. Ворониной. Издательство: Просвещение. Москва, 2021. 271 с. ISBN 978-5-09-083776-7	Ю.С. Аульченко, Н.Р. Баттулин, П.М. Бородин, Е.Н. Воронина, М.Ю. Карташов, Т.Д. Колесникова, А.А. Нижников, А.С. Пилипенко, О.В. Посух, С.Е. Седых, В.И. Соловьев, Н.А. Торгашева, В.С. Фишман, Е.К. Хлесткина, А.С. Цыбко, Т.А. Шнайдер, А.М. Юнусова
Генетика. 10–11-е классы.	Учебное пособие. Составитель И.В. Кузьмин. 4-е изд., стер. Издательство: Просвещение. Москва, 2024. 304 с. ISBN 978-5-09-113632-6	[И.В. Кузьмин, А.И. Ким, И.В. Кукушкина, Л.Н. Нефедова, А.Р. Лавренев и др.]
Решение задач по генетике.	[ЕГЭ, олимпиады, экзамены в вуз]. 4-е изд. Издательство: Лаборатория знаний. Москва, сор. 2024. 186 с. ISBN 978-5-93208-400-7	А.А. Синюшин
Биология. Практическая молекулярная генетика для начинающих. 7-9 классы: углублённый уровень: практикум : учебное пособие, разработанное в комплексе с учебником.	Практикум. Учебное пособие. Учебник. Под редакцией П.М. Бородина, Е.Н. Ворониной. Издательство: Просвещение. Москва, 2024. 271 с. ISBN 978-5-09-112586-3	Ю.С. Аульченко, Н.Р. Баттулин, П.М. Бородин, Е.Н. Воронина, М.Ю. Карташов, Т.Д. Колесникова, А.А. Нижников, А.С. Пилипенко, О.В. Посух, С.Е. Седых, В.И. Соловьев, Н.А. Торгашева, В.С. Фишман, Е.К. Хлесткина, А.С. Цыбко, Т.А. Шнайдер, А.М. Юнусова
Биоразнообразие: зачем нужно и как сохранить: Развитие научно-технического творчества обучающихся в сфере общего образования в области генетических исследований и технологий. 7 класс.	Учебное пособие. Под общей ред М.В. Ковальчука. Отпечатано в типографии ООО «Полиграфический комплекс». Москва, 2023. 167 с. URL: <a href="http://nrcki.ru/files/pdf/1812_bioraznoobrazie.pdf">http://nrcki.ru/files/pdf/1812_bioraznoobrazie.pdf</a>	С.В. Багоцкий, И.В. Барабанов, М.Н. Бойченко, С.Ю. Большаков, К.И. Варюшина, С.В. Волобуев, И.В. Доронин, М.Д. Дриаева, Л.Б. Калинина, Е.А. Кушнир, А.А. Леншин, Д.С. Лобанов, И.Г. Маланчук, Т.В. Семилет, С.П. Синеокий, П.А. Сломинский, К.Б. Тимирбаев, Ю.В. Ухатова, Е.К. Хлесткина
<b>Научно-популярные издания/ Popular science publications</b>		
Генетика в XX веке : очерки по истории генетики	Изд. 2-е, доп., [испр.]. Издательство: Ваш формат. Москва, 2024. 140 с. ISBN 978-5-00147-565-1	И.А. Захаров
Жизнь и ее природа, происхождение и ценность	Издательство: КнигИздат. Москва, 2023 г. 108 с. ISBN 978-5-4492-0432-5	И.А. Захаров-Гезехус
Юрий Александрович Филипченко и его окружение: к 100-летию основания кафедры генетики и экспериментальной зоологии в Петроградском университете	Под редакцией С.И. Фокина. Издательство: Изд-во Санкт-Петербургского ун-та. Санкт-Петербург, 2020. 336 с. ISBN 978-5-288-06023-6	С.И. Фокин, И.А. Захаров-Гезехус

Наименование/ Title	Краткое описание, год/ Brief description, year	Соавторы изданий / руководители программ/ Co-authors of publications / program managers
Издания серии «Люди науки / ВИР»: (Людмила Ильинична Костина; Александр Иванович Иванов; Любовь Владимировна Сазонова; Эрнст Валентинович Трускинов; Мария Николаевна Плеханова)	Издательство: ВИР, Санкт-Петербург. ISBN 978-5-907145-92-4. Санкт-Петербург, 2023. 59 с.; ISBN 978-5-907145-96-2. Санкт-Петербург, 2023. 43 с.; ISBN 978-5-907780-02-6. Санкт-Петербург, 2023. 60 с.; ISBN 978-5-907145-58-0. Санкт-Петербург, 2021. 35 с.; ISBN 978-5-907145-45-0. Санкт-Петербург, 2020. 39 с.	Е.В. Рогозина, О.В. Дук, Е.А. Дзюбенко, Ю.В. Ухатова, И.В. Котелкина, М.А. Вишнякова, М.В. Васильева
Научно-полевой роман. К 110-летию НИИСХ Юго-Востока: очерки, интервью, воспоминания	Автор-составитель В.В. Рязанов. Редакционный совет: В.Н. Аникина, С.Н. Гапонов (пред.), С.С. Деревягин, А.П. Панкратова, С.Н. Сибикеев, Л.А. Эльконин. ФАНЦ Юго-Востока. Издательство: Полиграф-НН. Саратов, 2021. 448 с. ISBN: 978-5-6047024-3-7	В.В. Рязанов
Генетика вчера и сегодня: к 100-летию кафедры генетики и биотехнологии Санкт-Петербургского государственного университета	Ответственный редактор С. Г. Инге-Вечтомов. Редакторы Е.В. Голубкова, А.А. Нижников. Издательство: Эко-вектор Ай-Пи. Санкт-Петербург, 2019. 319 с. ISBN 978-5-906648-89-1	С. Г. Инге-Вечтомов, А.В. Войлоков, С.П. Соснихина, Н.Д. Тихенко, Н.В. Цветкова, Е.И. Михайлова, В.Г. Смирнов, Л.А. Лутова, И.Е. Додуева, В.Е. Творогова, М.А. Лебедева, В.В. Емельянов, Т.В. Матвеева, И.А. Тихонович, Л.А. Мамон, Л.В. Барабанова, Е.В. Голубкова, Е.В. Даев., О.В. Иовлева, Е.М. Чекунова, Л.Н. Миронова, Г.А. Журавлева, Ю.О. Чернов, М.В. Падкина, А.М. Румянцев, Е.В. Самбук, В.С. Баранов, Т.В. Кузнецова
<b>Издания для вузовского и послевузовского образования/ Publications for higher and postgraduate education</b>		
Биология. Введение в язык специальности	Учебное пособие. Под редакцией А.В. Киташова. Издательство: Палеограф, Москва, 2021. 198 с. ISBN 978-5-89526-030-2	О.С. Марченко, И.А. Кондратьева, А.И. Ким
Медицинская генетика: национальное руководство	(Серия "Национальные руководства"). Под ред. Е.К. Гинтера, В.П. Пузырева, С.И. Куцева. Ответственный редактор В.Л. Ижевская. Издательство: ГЭОТАР-Медиа. Москва, 2022. 896 с. ISBN 978-5-9704-6307-9. DOI: 10.33029/9704-6307-9-GEN-2022-1-896	А.Ю. Асанов, Г.В. Байдакова, Е.В. Балановская, О.П. Балановский, В.С. Баранов, И.О. Бычков, Е.К. Гинтер, Н.С. Демикова, Л.Ю. Жулева, Д.В. Залетаев, Е.Ю. Захарова, Р.А. Зинченко, М.В. Зубкова, В.Л. Ижевская, С.Н. Иллариошкин, Ю.С. Иткис, Т.В. Кекеева, С.И. Козлова, О.Л. Коломиец, И.А. Кофиади, Т.Д. Крылова, Т.В. Кузнецова, Л.Ф. Курило, М.В. Куркина, С.И. Куцев, И.Н. Лебедев, О.Л. Мальмберг, С.В. Михайлова, М.В. Немцова, В.М. Писарев, А.В. Поляков, А.Н. Прытков, В.П. Пузырев, Н.Б. Рубцов, М.Ю. Скоблов, С.А. Смирнихина, П.А. Спарбер, В.В. Стрельников, Д.А. Сычев, Р.М. Хаитов, П.Г. Цыганкова, В.Б. Черных, О.В. Чумакова, Н.В. Шилова, О.А. Щагина

Наименование/ Title	Краткое описание, год/ Brief description, year	Соавторы изданий / руководители программ/ Co-authors of publications / program managers
Генная инженерия в биотехнологии	Учебник для вузов. Под редакцией С. Г. Инге-Вечтомова. 2-е изд., перераб. и доп. Издательство: Эко-Вектор. Санкт-Петербург, 2019. ISBN 978-5-906648-97-6	Г.А. Журавлева
Практические занятия по курсу «Общая генетика» для студентов медицинских факультетов	Учебное пособие. Издательство: Эко-Вектор. Санкт-Петербург, 2020. 120 с. ISBN 978-5-907201-09-5	Л.В. Барабанова, Л.А. Мамон, С.Е. Москаленко, Т.М. Рогоза
<b>Образовательные программы/ Educational programs</b>		
Магистратура «Молекулярная биология и агробиотехнология растений»	Основная образовательная программа в СПбГУ (Tikhonovich et al., 2020)	академик РАН, д.б.н. Тихонович И.А.
Магистратура «Клеточные и генетические технологии»	Основная образовательная программа в СПбГУ	профессор РАН, д.б.н. Нижников А.А.
Магистратура «Биоинформатика»	Основная образовательная программа в СПбГУ	к.б.н. Антоненц К.С. (с 2024 г.); профессор, к.б.н., Лapidус Л.А. (до 2024 г.)
Магистратура «Геномика и здоровье человека»	Основная образовательная программа в МГУ	д.б.н. Нефедова Л.Н.; д.б.н. Каменский П.А. (с 2023 г.); академик РАН, д.б.н. Рогаев Е.И. (до 2023 г.)
Магистратура «Генетика и биотехнология растений»	Образовательная программа в НТУ «Сириус» с 2022 г. (с 2023 г. сетевая совместно с СПбГУ, при участии ВИР, ВНИИСХМ, РГАУ-МСХА, ИЦиГ СО РАН, БИН)	профессор, д.б.н. Лутова Л.А.; профессор РАН, д.б.н. Хлесткина Е.К.
Магистратура «Генетика растений»	Образовательная программа с 2022 г. в НГУ сетевая с ИЦиГ СО РАН	академик РАН, д.б.н. Кочетов А.В.
Магистратура «Генетика и генетические технологии»	НТУ Сириус с 2022 г.	академик РАН, д.б.н. Рогаев Е.И.
Магистратура «Генетика растений и агробиотехнология»	Образовательная программа в Адыгейском государственном университете с 2022 г. (с 2023 г. сетевая совместно с ВШЭ, ВИР, ООО «Прогресс Агро» и НТУ «Сириус»)	профессор РАН, д.б.н. Хлесткина Е.К.
Магистратура «Молекулярная генетика и биотехнология сельскохозяйственных растений»	Образовательная программа с 2022 г. в МФТИ сетевая с ВНИИСБ	академик РАН, д.б.н. Карлов Г.И.
Магистратура «Генетика и селекция растений»	Образовательная программа в Вавиловском университете (с 2024 г. сетевая с ВИР и ФАНЦ Юго-Востока)	к.с.-х.н. Беляева А.А.

Решением Делегатского собрания VIII Съезда ВОГиС президентом ВОГиС на следующий срок (2024–2029 гг.) избран академик РАН, директор федерального государственного бюджетного научного учреждения «Федеральный исследовательский центр Институт цитологии и генетики Сибирского отделения Российской академии наук» (ИЦиГ СО РАН) А.В. Кочетов. Избран новый состав Центрального совета ВОГиС (79 членов), в том числе 26 членов Президиума ЦС ВОГиС (Таблица 3),

а также ревизионная комиссия (5 членов). Полный список членов Центрального совета представлен на сайте ВОГиС.

Следующий съезд Вавиловского общества генетиков и селекционеров (IX Съезд ВОГиС) состоится в 2029 г. Место проведения IX Съезда ВОГиС будет обсуждено и утверждено на ближайшем заседании Президиума Центрального совета ВОГиС.

**Таблица 3. Президиум Центрального совета Вавиловского общества генетиков и селекционеров на 2024-2029 годы**

**Table 3. Presidium of the Central Council of the Vavilov Society of Geneticists and Breeders for 2024-2029**

№	Избрание/назначение/ Election/Appointment	ФИО/ Full name	Ученая степень/ Academic degree	Звания/ Titles	Должность и место работы (сокращенно)/ Position and affiliation (abbreviated)	Населенный пункт/ Locality
1	Президент ВОГиС	Кочетов Алексей Владимирович	д.б.н.	академик РАН	директор, ИЦиГ СО РАН	Новосибирск
2	Вице-президент	Тихонович Игорь Анатольевич	д.б.н.	академик РАН	декан биологического факультета, СПбГУ	Санкт-Петербург
3	Вице-президент	Янковский Николай Казимирович	д.б.н.	академик РАН	научный руководитель, ИОГен им. Н.И. Вавилова РАН	Москва
4	Вице-президент	Колчанов Николай Александрович	д.б.н.	академик РАН	научный руководитель, ИЦиГ СО РАН	Новосибирск
5	Вице-президент	Беспалова Людмила Андреевна	д.с.-х.н.	академик РАН, Герой труда России	заведующий отделом, НЦЗ им. П.П. Лукьяненко	Краснодар
6	Вице-президент	Куцев Сергей Иванович	д.м.н.	академик РАН	директор, МГНЦ им. Бочкова	Москва
7	Вице-президент	Нижников Антон Александрович	д.б.н.	профессор РАН	председатель научной комиссии в области биологических наук и биоэкологии; и.о. заведующего кафедрой генетики и биотехнологии, СПбГУ	Санкт-Петербург
8	Вице-президент	Хлесткина Елена Константиновна	д.б.н.	профессор РАН	директор, ВИР	Санкт-Петербург
9	Вице-президент	Яненко Александр Степанович	д.б.н.	профессор	заместитель руководителя, Курчатовский комплекс НБИКС-природоподобных технологий НИЦ «Курчатовский институт»	Москва
10	Член Президиума	Васильев Андрей Валентинович	д.б.н.	чл.-корр. РАН	директор, ИБР РАН	Москва
11	Член Президиума	Гинтер Евгений Константинович	д.б.н.	академик РАН	научный руководитель, МГНЦ им. Бочкова	Москва
12	Член Президиума	Захаров-Гезехус Илья Артемьевич	д.б.н.	чл.-корр. РАН	советник РАН, ИОГен РАН	Москва
13	Член Президиума	Зеленский Григорий Леонидович	д.с.-х.н.	профессор	профессор, КубГАУ им. Трубилина	Краснодар
14	Член Президиума	Зиновьева Наталия Анатольевна	д.б.н.	академик РАН	директор, ФИЦ ВИЖ им. Л.К. Эрнста	Подольск
15	Член Президиума	Инге-Вечтомов Сергей Георгиевич	д.б.н.	академик РАН	научный руководитель, СПб филиал ИОГен РАН	Санкт-Петербург
16	Член Президиума	Карлов Геннадий Ильич	д.б.н.	академик РАН	директор, ВНИИСБ	Москва
17	Член Президиума	Кирпичников Михаил Петрович	д.б.н.	академик РАН	академик-секретарь, Отделение биологических наук РАН	Москва

№	Избрание/назначение/ Election/Appointment	ФИО/ Full name	Ученая степень/ Academic degree	Звания/ Titles	Должность и место работы (сокращенно)/ Position and affiliation (abbreviated)	Населенный пункт/ Locality
18	Член Президиума	Левитин Марк Михайлович	д.б.н.	академик РАН	главный научный сотрудник, ВИЗР	Санкт- Петербург
19	Член Президиума	Пузырев Валерий Павлович	д.м.н.	академик РАН	научный руководитель, Томский НИМЦ	Томск
20	Член Президиума	Рогаев Евгений Иванович	д.б.н.	академик РАН	заведующий кафедрой генетики, МГУ	Москва
21	Член Президиума	Степанов Вадим Анатольевич	д.б.н.	академик РАН	директор, Томский НИМЦ	Москва
22	Член Президиума	Свердлов Евгений Давидович	д.б.н.	академик РАН	руководитель, Центр геномных исследований мирового уровня «Курчатовский геномный центр»	Москва
23	Член Президиума	Шевченко Сергей Николаевич	д.с.-х.н.	академик РАН	директор, Самарский научный центр РАН	Самара
24	Член Президиума	Шестаков Сергей Васильевич	д.б.н.	академик РАН	советник РАН, ИОГен РАН	Москва
25	Член Президиума	Шумный Владимир Константинович	д.б.н.	академик РАН	советник РАН, ИЦиГ СО РАН	Новосибирск
26	Ученый секретарь ВОГиС	Афонников Дмитрий Аркадьевич	д.б.н.	-	заведующий лабораторией, ИЦиГ СО РАН	Новосибирск

### III. Текст Решения международного конгресса «VIII Съезд Вавиловского общества генетиков и селекционеров, посвященный 300-летию российской науки и высшей школы», принятого на итоговом заседании Съезда 19.06.2024

«14–19 июня 2024 г. в Саратове на базе Саратовского национального исследовательского государственного университета имени Н.Г. Чернышевского прошел международный конгресс «VIII Съезд Вавиловского общества генетиков и селекционеров, посвященный 300-летию российской науки и высшей школы» (далее Съезд). Съезд был приурочен к 300-летию Российской академии наук, 300-летию Санкт-Петербургского государственного университета, 115-летию Саратовского национального исследовательского государственного университета имени Н.Г. Чернышевского. В рамках Съезда были проведены пленарные заседания и симпозиумы, призванные осветить всю широту современных направлений в генетике, селекции и биотехнологии, включая медицинскую и сельскохозяйственную генетику, генетику надорганизменных систем, геномику и пангеномику, транскриптомику, протеомику и биоинформатику, системную биологию, генетические технологии, а также историю генетики. Программа Съезда включала 20 симпозиумов, 4 круглых стола и III научный форум «Генетические ресурсы России». В Съезде приняли очное участие более 700 специалистов в области генетики, селекции и смежных дисциплин из России и дружественных стран, представивших

около 300 симпозиальных и 400 постерных докладов. Более 60% участников составляли молодые ученые. В рамках Съезда состоялось делегатское собрание МОО ВОГиС, участники которого выбрали состав руководства ВОГиС на пятилетний период до следующего IX Съезда ВОГиС в 2029 г. Академику И.А. Тихоновичу было присвоено звание почетного президента ВОГиС. Организационный комитет VIII Съезда ВОГиС сердечно благодарит всех участников за высокий уровень представленных докладов, а со-организаторов, членов комитетов и партнеров за помощь в подготовке и проведении этого масштабного научного мероприятия.

Съезд отмечает успешность и высокий уровень организации проведенного международного конгресса «VIII съезд Вавиловского общества генетиков и селекционеров, посвященный 300-летию Российской науки и высшей школы».

Съезд рассмотрел и поддержал проект Концепции развития биологического образования в Российской Федерации, разработанный рабочей группой по совершенствованию подготовки высококвалифицированных кадров в сфере генетических технологий при Президиуме Совета по реализации Федеральной научно-технической программы развития генетических технологий на 2019-2030 годы, доложенный академиком М.П. Кирпичниковым.

Съезд рекомендует принять Концепцию и продолжить работу по формированию и выполнению Плана мероприятий по её реализации.

Съезд рекомендует руководящим органам МОО

ВОГиС провести работу по рассмотрению и утверждению места проведения IX съезда ВОГиС в 2029 г., а также организовать постоянно действующие рабочие группы (по вопросам подготовки кадров в области генетики и селекции, по вопросам биологических коллекций и др.).

Съезд рекомендует региональным отделениям МОО ВОГиС провести работу по увеличению числа членов МОО ВОГиС с целью развития в регионах передовых генетических технологий;

Съезд рекомендует руководящим органам МОО ВОГиС провести работу по организации отделений в новых регионах, вошедших в состав Российской Федерации и расширению сети региональных отделений.

Съезд рекомендует руководящим органам МОО ВОГиС активно сотрудничать с Органами Государственной Власти Российской Федерации и РАН по исполнению Указов Президента Российской Федерации, касающихся сферы генетики, селекции и генетических технологий.

Съезд приветствует работу Государственной Думы Российской Федерации по принятию 18.06.2024 г. в первом чтении закона «О биоресурсных центрах и биологических (биоресурсных) коллекциях», и отмечает важность его окончательного принятия и вступления в силу.

Съезд отмечает, что биологические коллекции являются фундаментальной основой научно-технологических цепочек, а инвестиции в генерацию знаний на основе сохранения, развития, изучения и использования коллекций – важный фактор успешной реализации стратегии научно-технологического развития Российской Федерации.

Съезд рекомендует членам МОО ВОГиС уделить особое внимание содействию взаимодействия ученых с бизнес-сообществом в целях ускорения трансляции достижений фундаментальной науки в практику, направленную на обеспечение технологической независимости, реализацию приоритетов научно-технологического развития Российской Федерации, перечисленных в Указе Президента Российской Федерации от 28.02.2024 г. №145 «О Стратегии научно-технологического развития Российской Федерации» и национальных целей развития Российской Федерации, сформулированных в Указе Президента Российской Федерации от 07.05.2024 №309 «О национальных целях развития Российской Федерации на период до 2030 года и на перспективу до 2036 года».

## References/Литература

- Bioinformatics of Genome Regulation and Structure/Systems Biology (BGRS/SB-2020): The Twelfth International Multiconference: Abstracts; 2020 July 06-10; Novosibirsk, Russia. Novosibirsk: Institute of Cytology and Genetics, SB RAS; 2020. DOI: 10.18699/BGRS/SB-2020-000
- Bioinformatics of Genome Regulation and Structure/Systems Biology (BGRS/SB-2022): The Thirteenth International Multiconference: Abstracts; 2022 July 04-08; Novosibirsk, Russia. Novosibirsk: Institute of Cytology and Genetics, SB RAS; 2022. DOI: 10.18699/BGRS/SB-2022-000
- Genetic Resources and Genetic Technologies for the Development of Northern Territories: Proceedings of the Conference; 2021 December 21–22; St. Petersburg, Russia. E.K. Khlestkina (ed.). St. Petersburg: VIR; 2021. [in Russian] (Генетические ресурсы и генетические технологии для развития северных территорий: материалы конференции; 21–22 декабря 2021 г.; Санкт-Петербург, Россия / под общ. ред. Е.К. Хлесткиной. Санкт-Петербург: ВИР; 2021). URL: [http://www.vir.nw.ru/wp-content/uploads/2021/10/VIR\\_konferentsiya\\_2021\\_Sever\\_Arktika-2.pdf](http://www.vir.nw.ru/wp-content/uploads/2021/10/VIR_konferentsiya_2021_Sever_Arktika-2.pdf) [дата обращения: 20.06.2024]. DOI: 10.30901/978-5-907145-80-1
- Genetic Resources and Genetic Technologies for the Development of Northern Territories: Proceedings of the Second Conference; 2023 March 13–15; St. Petersburg, Russia. E.K. Khlestkina (ed.). St. Petersburg: VIR; 2023. [in Russian] (Генетические ресурсы и генетические технологии для развития северных территорий: материалы Второй конференции; 13–15 марта 2023 г.; Санкт-Петербург, Россия / под общ. ред. Е.К. Хлесткиной. Санкт-Петербург: ВИР; 2023). URL: [http://www.vir.nw.ru/wp-content/uploads/2023/02/Geneticheskie-resursy-i-geneticheskie-tehnologii-dlya-razvitiya-severnnyh-territoriy\\_-materialy-Vtoroj-konferentsii\\_Sankt-Peterburg-13-15-marta-2023.pdf](http://www.vir.nw.ru/wp-content/uploads/2023/02/Geneticheskie-resursy-i-geneticheskie-tehnologii-dlya-razvitiya-severnnyh-territoriy_-materialy-Vtoroj-konferentsii_Sankt-Peterburg-13-15-marta-2023.pdf) [дата обращения: 20.06.2024]. DOI: 10.30901/978-5-907145-94-8
- Inge-Vechtomov S.G. Address by the President of the Vavilov Society of Geneticists and Breeders, Corresponding Member of the Russian Academy of Sciences S.G. Inge-Vechtomov (Obrashcheniye Prezidenta Vavilovskogo obshchestva genetikov i selektsionerov chlena-korrespondenta RAN S.G. Inge-Vechtomova). *VOGiS Herald*. 1997;1(1):1-4. [in Russian] (Инге-Вечтомов С.Г. Обращение Президента Вавиловского общества генетиков и селекционеров члена-корреспондента РАН С.Г. Инге-Вечтомова. *Информационный вестник ВОГиС*. 1997;1(1):1-4). URL: [https://elibrary.ru/download/elibrary\\_9126089\\_58059365.pdf](https://elibrary.ru/download/elibrary_9126089_58059365.pdf) [дата обращения: 20.06.2024].
- International Congress “VIII Congress of the Vavilov Society of Geneticists and Breeders, Dedicated to the 300th Anniversary of Russian Science and Higher Education”; 2024 June 14-19; Saratov, Russia. St. Petersburg: Petropolis; 2024. [in Russian] (Международный Конгресс «VIII Съезд Вавиловского общества генетиков и селекционеров, посвященный 300-летию российской науки и высшей школы»; 14-19 июня 2024 г.; Саратов, Россия. Санкт-Петербург: Петрополис; 2024).
- Khlestkina E.K., Ukhatova Yu.V., Shipilina L.Yu., Zavarzin A.A. Genetic resources and genetic technologies for the development of the Northern Territories: on the results of the Second Conference (March 13-15, 2023). *Plant Biotechnology and Breeding*. 2023;6(1):32-38. [in Russian] (Хлесткина Е.К., Ухатова Ю.В., Шипилина Л.Ю., Заварзин А.А. Генетические ресурсы и генетические технологии для развития северных территорий: об итогах Второй конференции (13-15 марта 2023 года). *Биотехнология и селекция растений*. 2023;6(1):32-38). DOI: 10.30901/2658-6266-2023-1-05
- Khlestkina E.K., Zakharova M.V., Nizhnikov A.A., Geltman D.V., Chernetsov N.S., Mikhailova N.A., Glotov A.S., Khlestkin V.K., Zavarzin A.A., Mokhov A.A., Tikhonovich I.A. The first scientific forum «Genetic resources of Russia» – on legal regulation in the field of bioresources and biological collections. *Plant Biotechnology and Breeding*. 2022;5(2):48-54. [in Russian] (Хлесткина Е.К., Захарова М.В., Нижников А.А., Гельтман Д.В., Чернецов Н.С., Михайлова Н.А., Глотов А.С., Хлесткин В.К., Заварзин А.А., Мохов А.А., Тихонович И.А. Первый научный форум «Генетические ресурсы России» – о правовом регулировании в сфере биоресурсов и биологических коллекций. *Биотехнология и селекция растений*. 2022;5(2):48-54). DOI: 10.30901/2658-6266-2022-2-02
- On Bioresource Centers and Biological (Bioresource) Collections: The Legal Act Project No 325647-8 (O biorekursnykh tsentrakh i biologicheskikh (biorekursnykh) kollekttsiyakh: Zakonoprojekt № 325647-8). 2024. [in Russian] (О биоресурсных центрах и биологических (биоресурсных) коллекциях: Законопроект № 325647-8). 2024). URL: <https://sozd.duma.gov.ru/bill/325647-8?ysclid=lxq8w8ydkl789885590> [дата обращения: 19.06.2024].
- Plant Genetics, Genomics, Bioinformatics, and Biotechnology

- (PlantGen2021): The 6th International Scientific Conference: abstracts; 2021 June 14-18; Novosibirsk, Russia. A.V. Kochetov, E.A. Salina (eds). Novosibirsk: Institute of Cytology and Genetics, SB RAS; 2021. DOI: 10.18699/PlantGen2021000
- Plant Genetics, Genomics, Bioinformatics, and Biotechnology (PlantGen2023): The 7th International Scientific Conference: abstracts; 2023 July 10-15; Kazan, Russia. A.A. Kalachev, T.A. Gorshkova, M.L. Ponomareva (eds). Kazan: FEN; 2023. [in Russian] (Генетика, геномика, биоинформатика и биотехнология растений) (PLANTGEN 2023): VII Международная научная конференция: тезисы докладов; 10-15 июля 2023 г.; Казань, Россия / под ред. А.А. Калачева, Т.А. Горшковой, М.Л. Пономаревой. Казань: ФЭН; 2023). URL: <https://plantgen2023.ofr.su/assets/files/abstracts-plantgen2023-kazan.pdf> [дата обращения: 19.06.2024].
- Tikhonovich I.A., Geltman D.V., Chernetsov N.S., Mikhailova N.A., Glotov A.S., Dementieva N.V., Khlestkin V.K., Ukhatova Yu.V., Zavarzin A.A., Nizhnikov A.A., Khlestkina E.K. On the results of the Second Scientific Forum "Genetic Resources of Russia". *Plant Biotechnology and Breeding*. 2023;6(2):43-52. [in Russian] (Тихонович И.А., Гельтман Д.В., Чернецов Н.С., Михайлова Н.А., Глотов А.С., Дементьева Н.В., Хлесткин В.К., Ухатова Ю.В., Заварзин А.А., Нижников А.А., Хлесткина Е.К. Об итогах Второго научного форума «Генетические ресурсы России». *Биотехнология и селекция растений*. 2023;6(2):43-52). DOI: 10.30901/2658-6266-2023-2-01
- Tikhonovich I.A., Geltman D.V., Chernetsov N.S., Mikhailova N.A., Glotov A.S., Khlestkin V.K., Ukhatova Y.V., Zavarzin A.A., Nizhnikov A.A., Khlestkina E.K. On the results of the First Scientific Forum «Genetic Resources of Russia»: prospects for development, research and practical potential of bio-collections. *Plant Biotechnology and Breeding*. 2022;5(2):38-47. [in Russian] (Тихонович И.А., Гельтман Д.В., Чернецов Н.С., Михайлова Н.А., Глотов А.С., Хлесткин В.К., Ухатова Ю.В., Заварзин А.А., Нижников А.А., Хлесткина Е.К. Об итогах Первого научного форума «Генетические ресурсы России»: перспективы развития, научно-исследовательский и научно-практический потенциал биоресурсных коллекций. *Биотехнология и селекция растений*. 2022;5(2):38-47). DOI: 10.30901/2658-6266-2022-2-04
- Tikhonovich I.A., Lutova L.A., Matveeva T.V. On students training in a new Master's Program "Molecular Biology and Plant Agrobiotechnology" at St. Petersburg State University (SPbSU). *Plant Biotechnology and Breeding*. 2020;3(1):7-12. [in Russian] (Тихонович И.А., Лутова Л.А., Матвеева Т.В. О подготовке магистров по новой программе «Молекулярная биология и агrobiотехнология растений» в Санкт-Петербургском государственном университете (СПбГУ). *Биотехнология и селекция растений*. 2020;3(1):7-12). DOI: 10.30901/2658-6266-2020-1-04
- Vavilov Seminar. N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources (VIR): website. 2024. [in Russian] (Вавиловский семинар. Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова (ВИР): [сайт]. 2024). URL: <https://www.vir.nw.ru/blog/category/seminar/> [дата обращения: 19.06.2024].
- VIII Congress of the Vavilov Society of Geneticists and Breeders Dedicated to the 300th anniversary of Russian Science and Higher Education; 2024 June 14-19; Saratov, Russia: [website]. [in Russian] (VIII Съезд Вавиловского общества генетиков и селекционеров, посвященный 300-летию российской науки и высшей школы; 14-19 июня 2024 г.; Саратов, Россия: [сайт]). URL: <https://congress.vogis.org/> [дата обращения: 19.06.2024].

### Информация об авторах

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

**Алексей Владимирович Кочетов**, доктор биологических наук, академик РАН, профессор РАН, президент ВОГиС, директор, Федеральный исследовательский центр Институт цитологии и генетики Сибирского отделения РАН, 630090 Россия, Новосибирск, пр. Академика Лаврентьева, 10, [ak@bionet.nsc.ru](mailto:ak@bionet.nsc.ru), <https://orcid.org/0000-0003-3151-5181>

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

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

### Information about the authors

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

**Alexey V. Kochetov**, Dr. Sci. (Biology), Academician of the RAS, Professor of the RAS, President of VOGiS, Director, Institute of Cytology and Genetics SB RAS, Academician Lavrentiev Avenue, 10, Novosibirsk, 630090 Russia, [ak@bionet.nsc.ru](mailto:ak@bionet.nsc.ru), <https://orcid.org/0000-0003-3151-5181>

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

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

---

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

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

**Конфликт интересов:** авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

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

Статья поступила в редакцию 21.06.2024; одобрена после рецензирования 25.06.2024; принята к публикации 26.06.2024.

The article was submitted on 21.06.2024; approved after reviewing on 25.06.2024; accepted for publication on 26.06.2024.

**Биотехнология и селекция растений / Plant Biotechnology and Breeding**

**Научный рецензируемый журнал / Scientific Peer Reviewed Journal**

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

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

<https://biosel.elpub.ru>; e-mail: [pbi@vir.nw.ru](mailto:pbi@vir.nw.ru)

Языки: русский, английский / Languages: Russian, English

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

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

<https://biosel.elpub.ru>

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

[https://www.elibrary.ru/title\\_about\\_new.asp?id=69575](https://www.elibrary.ru/title_about_new.asp?id=69575)

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

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

---

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

Переводчик: *С.В. Шувалов*

Корректор: *С.В. Шувалов, Е.И. Михайлова*

Компьютерная верстка: *Г.К. Чухин*

**Адрес редакции:**

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

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

**Почтовый адрес редакции**

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

Подписано в печать 28.06.2024. Формат 70×100<sup>1</sup>/<sub>8</sub>.

Бумага офсетная. Печать офсетная.

Печ. л. 12. Тираж 30 экз. Заказ № 382/6.

Федеральное государственное бюджетное научное учреждение

«Федеральный исследовательский центр

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

редакционно-издательский сектор ВИР

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

Отпечатано в типографии ООО «Р-КОПИ»

190000, Санкт-Петербург, пер. Гривцова, д. 6, лит. Б

БИОТЕХНОЛОГИЯ  
И СЕЛЕКЦИЯ  
РАСТЕНИЙ

7(2), 2024