



БЮЛЛЕТЕНЬ ВИР VIR BULLETIN

Выпуск 246

Issue 246

2025

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



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

СЕТЕВОЕ ИЗДАНИЕ
СЕТЕВОЙ НАУЧНЫЙ ЖУРНАЛ

БЮЛЛЕТЕНЬ ВИР

2025, выпуск 246

ЖУРНАЛ ОСНОВАН В 1956 Г.
ИЗДАНИЕ ВОЗОБНОВЛЕНО В 2024 Г.
ПЕРИОДИЧНОСТЬ: 4 ВЫПУСКА В ГОД

*Журнал ориентируется на научное сообщество
в области биологии и сельского хозяйства,
включая научных сотрудников, профессорско-
преподавательский состав, соискателей ученых
степеней и др.*

<https://vir-bulletin.ru/>

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

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

ONLINE EDITION
SCIENTIFIC ONLINE JOURNAL

VIR BULLETIN

2025, issue 246

THE JOURNAL WAS FOUNDED IN 1956.
ITS PUBLICATION WAS RESTARTED IN 2024.
PUBLICATION FREQUENCY: 4 ISSUES A YEAR

*The journal is addressed to the scientific and
academic community specializing in biology and
agriculture, including researchers, lecturers,
doctoral students, etc.*

<https://vir-bulletin.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)

На обложке:

здание ВИР, Исаакиевская площадь, г. Санкт-Петербург
Фото: Е.А. Чарушина-Капустина, оформление обложки, 2025

Cover photo:

VIR's building, St. Isaac's Square, St. Petersburg
Photo: E.A. Charushina-Kapustina, cover design, 2025

Бюллетень ВИР
2025 ВЫПУСК 246
<https://vir-bulletin.ru/>
Сетевое издание
Сетевой научный журнал
Основан в 1956 г.

Издание возобновлено в 2024 г.

Учредитель: Федеральное государственное бюджетное научное учреждение
«Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова (ВИР)»
Адрес учредителя: Россия, 190000, Санкт-Петербург, ул. Большая Морская, д. 42, 44

Журнал «Бюллетень ВИР» / «VIR Bulletin»

Главный редактор:

И.Г. Лоскутов – д-р биол. наук, проф. (Россия)

Помощник главного редактора

А.А. Гнутиков (Россия)

Заместители главного редактора:

Ю.В. Ухатова – канд. биол. наук (Россия)

И.Г. Чухина – канд. биол. наук (Россия)

Ответственный секретарь:

Л.Ю. Шипилина – канд. биол. наук (Россия)

Помощник секретаря

Т.В. Семилет (Россия)

Редакционная коллегия:

И.Н. Анисимова – д-р биол. наук (Россия)
О.Ю. Антонова – канд. биол. наук (Россия)
А.М. Артемьева – д-р с.-х. наук (Россия)
Л.В. Багмет – канд. биол. наук (Россия)
Г.А. Баталова – акад. РАН, д-р с.-х. наук, проф. (Россия)
Б.А. Баташева – д-р биол. наук (Россия)
Н.Б. Брач – д-р биол. наук (Россия)
М.О. Бурляева – канд. биол. наук (Россия)
М.А. Вишнякова – д-р биол. наук, проф. (Россия)
В.А. Волынкин – д-р с.-х. наук, проф. (Россия)
Т.А. Гавриленко – д-р биол. наук (Россия)
В.А. Гаврилова – д-р биол. наук (Россия)
Д.В. Гельтман – д-р биол. наук (Россия)
Т.В. Герасимова – канд. с.-х. наук (Россия)
В.М. Горина – д-р с.-х. наук (Россия)
В.И. Дорофеев – д-р биол. наук, проф. (Россия)
Е.В. Думачева – д-р биол. наук (Россия)
А.Г. Елацкова – канд. с.-х. наук (Россия)
В.Г. Еремин – проф. РАН, д-р с.-х. наук (Россия)
Г.В. Еремин – акад. РАН, д-р с.-х. наук, проф. (Россия)
Н.М. Зотеева – д-р биол. наук (Россия)
Е.В. Зуев – канд. с.-х. наук (Россия)
Е.Т. Ильницкая – канд. биол. наук (Россия)
И.А. Кибкало – канд. с.-х. наук (Россия)
О.А. Ковалева – канд. биол. наук (Россия)
Н.Н. Коваленко – д-р биол. наук (Россия)
М.А. Колесова – канд. биол. наук (Россия)
А.В. Кочетов – акад. РАН, проф. РАН, д-р биол. наук (Россия)
Е.А. Крылова – канд. биол. наук (Россия)

В.В. Лиховской – д-р с.-х. наук, проф. (Россия)
А.С. Лыжин – канд. с.-х. наук (Россия)
Л.Л. Малышев – канд. с.-х. наук (Россия)
С.Г. Монахос – проф. РАН, д-р с.-х. наук (Россия)
Л.Ю. Новикова – д-р с.-х. наук (Россия)
Е.А. Пороховинова – д-р биол. наук (Россия)
О.Н. Пышная – д-р с.-х. наук (Россия)
Е.Е. Радченко – д-р биол. наук (Россия)
Р.С. Рахмангулов – канд. биол. наук (Россия)
Е.В. Рогозина – д-р биол. наук (Россия)
А.В. Родионов – д-р биол. наук, проф. (Россия)
И.В. Сеферова – канд. биол. наук (Россия)
М.М. Силантьева – д-р биол. наук, проф. (Россия)
Д.В. Соколова – канд. биол. наук (Россия)
Е.А. Соколова – д-р биол. наук (Россия)
И.В. Соколова – канд. биол. наук (Россия)
И.И. Супрун – канд. биол. наук (Россия)
И.В. Татанов (Россия)
Н.Г. Тихонова – канд. биол. наук (Россия)
О.А. Тихонова – канд. с.-х. наук (Россия)
И.А. Тихонович – акад. РАН, д-р биол. наук, проф. (Россия)
К.Г. Ткаченко – д-р биол. наук (Россия)
Г.И. Филипенко – канд. с.-х. наук (Россия)
Э.Б. Хатевов – д-р биол. наук, проф. (Россия)
Е.К. Хлесткина – чл.-корр. РАН, проф. РАН, д-р биол. наук (Россия)
В.А. Чувиллина – канд. с.-х. наук (Россия)
Н.А. Швачко – канд. биол. наук (Россия)
Т.В. Шеленга – канд. биол. наук (Россия)
А.И. Шмаков – д-р биол. наук, проф. (Россия)
О.Ю. Шоева – канд. биол. наук (Россия)

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

VIR Bulletin
2025 ISSUE 246
<https://vir-bulletin.ru/>
Online edition
Scientific Journal Online
The journal was founded in 1956.
Its publication was restarted in 2024.

Founder: Federal Research Center the N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources (VIR)
Founder's address: 42, 44, Bolshaya Morskaya Street, St. Petersburg, 190000, Russia

VIR Bulletin

Editor-in-Chief

Igor' G. Loskutov, Dr. Sci. (Biology), Professor, Russia
Assistant Editor-in-Chief
Alexander A. Gnutikov, Russia

Deputy Editors-in-Chief:

Irena G. Chukhina, Cand. Sci. (Biology), Russia
Yulia V. Ukhatova, Cand. Sci. (Biology), Russia

Executive Secretary:

Lilia Yu. Shipilina, Cand. Sci. (Biology), Russia
Assistant Secretary
Tatyana V. Semilet, Russia

Editorial Board:

Irina N. Anisimova, Dr. Sci. (Biology), Russia
Olga Yu. Antonova, Cand. Sci. (Biology), Russia
Anna M. Artemyeva, Cand. Sci. (Agriculture), Russia
Larisa V. Bagmet, Cand. Sci. (Biology), Russia
Galina A. Batalova, Full Member (Academician) of the RAS, Dr. Sci. (Agriculture), Professor, Russia
Bellokhan A. Batasheva, Dr. Sci. (Biology), Russia
Nina B. Brutch, Dr. Sci. (Biology), Russia
Marina O. Burlyaeva, Cand. Sci. (Biology), Russia
Vera A. Chuvilina, Cand. Sci. (Agriculture), Russia
Vladimir I. Dorofeev, Dr. Sci. (Biology), Professor, Russia
Elena V. Dumacheva, Dr. Sci. (Biology), Russia
Anna G. Elatskova, Cand. Sci. (Agriculture), Russia
Gennady V. Eremin, Full Member (Academician) of the RAS, Dr. Sci. (Agriculture), Professor, Russia
Viktor G. Eremin, Professor of the RAS, Dr. Sci. (Agriculture), Russia
Galina I. Filipenko, Cand. Sci. (Agriculture), Russia
Tatjana A. Gavrilenko, Dr. Sci. (Biology), Russia
Vera A. Gavrilova, Dr. Sci. (Biology), Russia
Dmitry V. Geltman, Dr. Sci. (Biology), Russia
Tatyana V. Gerasimova, Cand. Sci. (Agriculture), Russia
Valentina M. Gorina, Dr. Sci. (Agriculture), Russia
Elena T. Ilnitskaya, Cand. Sci. (Biology), Russia
Eduard B. Khatefov, Dr. Sci. (Biology), Professor, Russia
Elena K. Khlestkina, Corresponding Member of the RAS, Professor of the RAS, Dr. Sci. (Biology), Russia
Ilya A. Kibkalo, Cand. Sci. (Agriculture), Russia
Alexey V. Kochetov, Full Member (Academician) of the RAS, Professor of the RAS, Dr. Sci. (Biology), Russia
Maria A. Kolesova, Cand. Sci. (Biology), Russia
Natalia N. Kovalenko, Dr. Sci. (Biology), Russia

Olga N. Kovaleva, Cand. Sci. (Biology), Russia
Ekaterina A. Krylova, Cand. Sci. (Biology), Russia
Vladimir V. Likhovskoy, Dr. Sci. (Agriculture), Professor, Russia
Alexander S. Lyzhin, Cand. Sci. (Agriculture), Russia
Leonid L. Malyshev, Cand. Sci. (Agriculture), Russia
Sokrat G. Monakhos, Professor of the RAS, Dr. Sci. (Agriculture), Russia
Lubov Yu. Novikova, Dr. Sci. (Agriculture), Russia
Elizaveta A. Porokhovina, Dr. Sci. (Biology), Russia
Olga N. Pyshnaya, Dr. Sci. (Agriculture), Russia
Evgeny E. Radchenko, Dr. Sci. (Biology), Russia
Ruslan S. Rakhmangulov, Cand. Sci. (Biology), Russia
Aleksandr V. Rodionov, Dr. Sci. (Biology), Professor, Russia
Elena V. Rogozina, Dr. Sci. (Biology), Russia
Irina V. Seferova, Cand. Sci. (Biology), Russia
Tatyana V. Shelenga, Cand. Sci. (Biology), Russia
Alexander I. Shmakov, Dr. Sci. (Biology), Professor, Russia
Olesya Yu. Shoeva, Cand. Sci. (Biology), Russia
Natalia A. Shvachko, Cand. Sci. (Biology), Russia
Marina M. Silantyeva, Dr. Sci. (Biology), Professor, Russia
Diana V. Sokolova, Cand. Sci. (Biology), Russia
Elena A. Sokolova, Dr. Sci. (Biology), Russia
Irina V. Sokolova, Cand. Sci. (Biology), Russia
Ivan I. Suprun, Cand. Sci. (Biology), Russia
Ivan V. Tatanov, Russia
Nadezhda G. Tikhonova, Cand. Sci. (Biology), Russia
Ol'ga A. Tikhonova, Cand. Sci. (Agriculture), Russia
Igor' A. Tikhonovich, Full Member (Academician) of the RAS, Dr. Sci. (Biology), Professor, Russia
Kirill G. Tkachenko, Dr. Sci. (Biology), Russia
Margarita A. Vishnyakova, Dr. Sci. (Biology), Professor, Russia
Vladimir A. Volynkin, Dr. Sci. (Agriculture), Professor, Russia
Nadezhda M. Zoteeva, Dr. Sci. (Biology), Russia
Evgeny V. Zuev, Cand. Sci. (Agriculture), Russia

© Federal Research Center
the N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources, 2025

СОДЕРЖАНИЕ

ОБЗОРНЫЕ СТАТЬИ

Артемьева А.М., Курина А.Б., Ухатова Ю.В.
Обзорная статья

К 100-летию отдела генетических ресурсов
овощных и бахчевых культур ВИР

Рогозина Е.В.
Обзорная статья

Геном *Solanum tuberosum* L.: от удвоенного
моноплоида к пангеному картофеля

Тихонова Н.Г.
Обзорная статья

К 100-летию отдела генетических
ресурсов плодовых культур ВИР

КРАТКИЕ СООБЩЕНИЯ

Краткое сообщение

Борис Викторович Ригин:
памяти ученого

4

19

38

50

CONTENTS

REVIEW ARTICLES

Artemyeva A.M., Kurina A.B., Ukhato Yu.V.
Review article

On the Centennial of the Vegetable and Cucurbit
Crop Genetic Resources Department of VIR

Rogozina E.V.
Review article

The genome of *Solanum tuberosum* L.: from
a doubled monoploid to the potato pangenome

Tikhonova N.G.
Review article

On the 100th Anniversary of the Fruit Crop
Genetic Resources Department of VIR

BRIEF COMMUNICATIONS

Brief communication

Boris Viktorovich Rigin: in memory of the
scientist



К 100-летию отдела генетических ресурсов овощных и бахчевых культур ВИР

А. М. Артемьева, А. Б. Курина, Ю. В. Ухатова

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

Автор, ответственный за переписку: Анна Майевна Артемьева, a.artemyeva@vir.nw.ru

Изучение овощных и бахчевых культур началось в 1898 году в Бюро по прикладной ботанике. В 1930 году был создан Всесоюзный институт растениеводства (ВИР), где в 1945 году окончательно сформировался соответствующий отдел. История работы отдела разделяется на ключевые этапы. Первый этап (1920–1930 гг.) – масштабный сбор мирового генофонда благодаря экспедициям Н. И. Вавилова, П. М. Жуковского и других ученых, что позволило к 1928 году сформировать коллекцию в 15 400 образцов и проводить исследовательскую и селекционную работу. Второй этап (1931–1941 гг.) – углубленное изучение материала и расширение селекции. Третий этап (1941–1948 гг.) – эвакуация и сохранение коллекции в годы войны, восстановление коллекции. Четвертый этап (1948–1990 гг.) – интенсивное пополнение коллекции, комплексные исследования и публикация фундаментальных томов «Культурной флоры СССР». Современный этап (с 1991 года) связан с использованием низкотемпературного хранения семян, молекулярно-генетических методов исследования, продолжением эколого-географического изучения и созданием новых сортов. Вклад в развитие отдела внесли выдающиеся специалисты: Т. В. Лизгунова (капуста), Л. В. Сазонова (морковь), Д. Д. Брежнев (томат), К. И. Пангало (бахчевые) и многие другие. Сегодня мировая коллекция отдела насчитывает свыше 53 тысяч образцов из 98 стран, представляющих 610 видов. Ее уникальность оценивается в 50–80%. Основные направления работы включают комплексное изучение генофонда для выделения источников ценных признаков (продуктивность, устойчивость к стрессам, качество продукции), создание современных сортов и гибридов. За последние 25 лет сотрудниками отдела создано 70 сортов 25 культур. В 2022 году для интеграции передовых технологий в селекционный процесс была организована молодежная лаборатория селекции и клеточных технологий. Ее деятельность направлена на ускоренное создание новых форм овощных и лекарственных культур с использованием методов *in vitro*, молекулярной генетики и биохимии. Таким образом, история отдела демонстрирует непрерывную работу по пополнению, сохранению, изучению генетического разнообразия овощных и бахчевых культур, что является научной основой для обеспечения продовольственной безопасности страны, развития здорового питания и создания конкурентоспособных отечественных сортов.

Ключевые слова: коллекция ВИР, отдел овощных и бахчевых культур, исторические этапы, комплексное изучение, селекция

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

Для цитирования: Артемьева А.М., Курина А.Б., Ухатова Ю.В. К 100-летию отдела генетических ресурсов овощных и бахчевых культур ВИР. *Бюллетень ВИР*. 2025;(246):4-18.

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.

© Артемьева А.М., Курина А.Б., Ухатова Ю.В., 2025

Review article

On the Centennial of the Vegetable and Cucurbit Crop Genetic Resources Department of VIR

Anna M. Artemyeva, Anastasia B. Kurina, Yulia V. Ukhatova

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

Corresponding author: Anna M. Artemyeva, a.artemyeva@vir.nw.ru

The study of vegetable crops and cucurbits began in 1898 at the Bureau of Applied Botany. By 1930, the Bureau has developed into the All-Union Institute of Plant Industry (VIR), where the corresponding Department eventually took shape in 1945. The history of the Department can be divided into several key periods. The first one (1920–1930) involved the large-scale collecting of the global genetic diversity through expeditions by N. I. Vavilov, P. M. Zhukovsky, and other scientists. These efforts resulted in the formation of a collection containing 15,400 accessions by 1928 and allowed for conducting research and breeding work. The second period (1931–1941) was characterized by in-depth study of the collected material and the expansion of breeding activities. During the third period (1941–1948), the collection was partially evacuated to safety and preserved during the war years, and then its restoration began. The fourth period (1948–1990) was devoted to intensive replenishment of the collection, comprehensive research, and publication of the fundamental volumes of the “Flora of Cultivated Plants”. The modern period (since 1991) witnesses the active use of low-temperature seed storage, application of molecular genetic methods, continuation of ecogeographic studies, and creation of new cultivars. Among the outstanding specialists who contributed to the development of the Department are T. V. Lizgunova (cabbage), L. V. Sazonova (carrot), D. D. Brezhnev (tomato), K. I. Pangalo (melon crops), and many others. Today, the Department’s global collection comprises over 53,000 accessions from 98 countries, representing 610 species. Its uniqueness is estimated at 50–80%. The main areas of work include comprehensive study of crop gene pools to identify sources of valuable traits, e.g. productivity, stress resistance, and product quality, as well as the creation of modern cultivars and hybrids. Over the past 25 years, 70 cultivars of 25 crops have been created by the department staff. In 2022, a Youth Laboratory of Breeding and Cell Technologies was organized to integrate advanced technologies into the breeding process. Its activities are aimed at the accelerated creation of new forms of vegetable and medicinal crops using in vitro methods, molecular genetics, and biochemistry. Hereby, the history of the department demonstrates its continuous work on replenishment, maintenance, and study of the genetic diversity of vegetable and cucurbit crops, thus creating a scientific basis for the country’s food security, development of healthy nutrition, and creation of competitive cultivars.

Keywords: VIR collection, Vegetable and Cucurbit Crop Genetic Resources Department, historical periods, complex study, breeding

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

For citation: Artemyeva A.M., Kurina A.B., Ukhatova Yu.V. On the Centennial of the Vegetable and Cucurbit Crop Genetic Resources Department of VIR. *VIR Bulletin*. 2025;(246):4–18. (in Russ.).

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.

© Artemyeva A.M., Kurina A.B., Ukhatova Yu.V., 2025

Введение

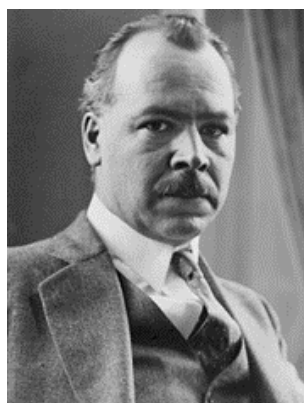
Изучение овощных и бахчевых культур началось в Бюро по прикладной ботанике сельскохозяйственно-го Ученого комитета Министерства земледелия и государственных имуществ под руководством Р. Э. Регеля в 1898 г.

После прихода в 1920 г. к руководству Н. И. Вавилова работа с овощными растениями постепенно стала более организованной. При отделе прикладной ботаники Государственного института опытной агрономии (ГИОА), в который было реорганизовано Бюро по прикладной ботанике, возник подотдел огородничества. В 1925 г. в организованном Всесоюзном институте прикладной ботаники и новых культур (ВИПБиНК) был создан отдел

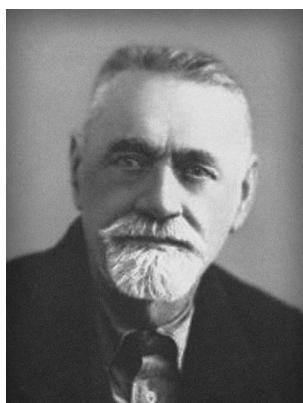
плодоводства, огородничества и специальных культур с подотделом огородничества и секцией бахчеводства (руководитель – В. В. Пашкевич). Сотрудники подотдела огородничества ВИПБиНК и подотдела огородничества ГИОА работали по единому плану. В 1930 г. ВИПБиНК и отдел прикладной ботаники ГИОА были преобразованы во Всесоюзный институт растениеводства. В 1931 г. в ВИР были организованы отдел растительных ресурсов и секции овощных и бахчевых культур (Brezhnev, Boos, 1969).

В 1934 г. отдел растительных ресурсов упразднили и создали отдел овощных, бахчевых культур, клубнеплодов и съедобных грибов (руководитель – С. М. Букасов).

В 1945 г. был создан самостоятельный отдел овощных и бахчевых культур (рис. 1). В 1949 г. внутри отдела организована лаборатория закрытого грунта.



Вавилов
Николай Иванович
(1887–1943), директор



Кичунов
Николай Иванович
(1863–1942)



Васильев
Василий Лукьянович
(1884–1957)



Брежнев
Дмитрий Данилович
(1905–1982)



Лизгунова
Татьяна Васильевна
(1901–1983)



Боос
Генрих Викторович
(1920–1987)



Буренин
Валентин Иванович
(1938–2024)



Артемьева
Анна Майевна
(руководитель отдела с 2012 г.)

Рис. 1. Заведующие отдела генетических ресурсов овощных и бахчевых культур

Fig. 1. Heads of the Vegetable and Cucurbit Crop Genetic Resources Department

Группы культур

Капуста

Т. В. Лизгунова была приглашена в ВИР Н. И. Вавило-

вым в 1926 г. и стала крупным специалистом и монографом культуры капусты. Рядом с ней работали канд. с.-х. наук Т. И. Джохадзе (Бодялкина) (рис. 2) и доктор с.-х. наук Г. В. Боос. В настоящее время куратором коллекции

капусты является канд. с.-х. наук А. М. Артемьева, под руководством которой ведут работу с культурой аспиран-

ты С. С. Абремская и Г. С. Огудин.



Лизгунова
Татьяна Васильевна



Джохадзе
Татьяна Ивановна



Артемьева
Анна Майевна

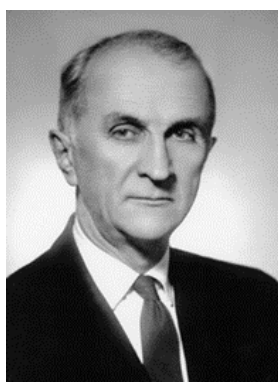
Рис. 2. Сотрудники группы капустных культур

Fig. 2. Cabbage crops group members

Морковь

С коллекцией моркови работал канд. с.-х. наук наук Б. И. Сечкарев, затем доктор с.-х. наук Л. В. Сазонова, соавтор тома «Культурной флоры СССР» по корнеплод-

ным растениям (рис. 3). Сейчас за коллекцию моркови и других зонтичных культур отвечает канд. биол. наук Т. В. Хмелинская.



Сечкарев
Борис Иванович



Сазонова
Любовь Владимировна



Хмелинская
Татьяна Владимировна

Рис. 3. Сотрудники группы моркови

Fig. 3. Carrot group members

Малораспространенные (пряновкусовые, лекарственные) культуры

Долгие годы в институте трудилась канд. биол. наук М. М. Гиренко, которая вела коллекцию малораспространенных культур (рис. 4). Затем эту работу продолжила канд. с.-х. наук О. А. Зверева. В настоящий момент кура-

тором коллекции является канд. биол. наук А. Б. Курина.

Салат

С коллекцией салата работала Т. В. Лизгунова, затем кураторами коллекции были кандидаты с.-х. наук Р. А. Комарова, после нее Л. И. Шашилова (рис. 5).



Гиренко
Мария Михайловна



Зверева
Ольга Анатольевна



Курина
Анастасия Борисовна

Рис. 4. Кураторы коллекции малораспространенных культур

Fig. 4. Curators of the rare crops collection



Лизгунова
Татьяна Васильевна



Комарова
Римма Александровна



Шашилова
Лариса Ивановна

Рис. 5. Кураторы коллекции салата

Fig. 5. Curators of the lettuce collection

Огурец

С коллекцией огурца работали С. Г. Габаев, доктора с.-х. наук Э. Т. Мещеров, В. И. Пыженков (рис. 6), кандидат с.-х. наук Т. Н. Кожанова. Сейчас продолжает исследования коллекции канд. с.-х. наук Т. М. Пискунова (куратор коллекции кабачка, тыквы и огурца).

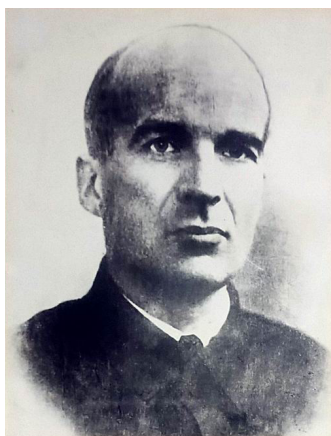
Свекла

Изучением коллекции свеклы занимался доктор с.-х. наук В. Т. Красочкин, затем с коллекцией работал его уче-

ник В. И. Буренин. В настоящее время куратором коллекции свеклы и амаранта является канд. биол. наук Д. В. Соколова (рис. 7).

Репа, брюква

С коллекцией репы и брюквы работали доктор с.-х. наук Е. Н. Синская, затем кандидат с.-х. наук М. А. Шебакина, а после нее – кандидат с.-х. наук В. В. Шумилина. Сейчас за коллекцию отвечает Д. Л. Корнюхин (рис. 8).



Габаев
Сергей Георгиевич



Мещеров
Энвер Тагирович



Пыженков
Владимир Ильич



Пискунова
Татьяна Миновна

Рис. 6. Сотрудники группы огурца
Fig. 6. Cucumber group members



Красочкин
Василий Трофимович



Буренин
Валентин Иванович



Соколова
Диана Викторовна

Рис. 7. Сотрудники группы свеклы
Fig. 7. Beet group members



Синская
Евгения Николаевна



Шебалина
Мария Александровна



Корнюхин
Дмитрий Львович

Рис. 8. Сотрудники группы репы
Fig. 8. Turnip group members

Лук

В институте трудилась доктор с.-х. наук А. А. Казакова, соавтор «Культурной флоры СССР» по луку (рис. 9).

В настоящее время изучение коллекции лука ведут канд. с.-х. наук В. В. Шумилина (рис. 9) и канд. биол. наук О. А. Кривченко.



Казакова
Антонина Алексеевна



Шумилина
Вера Владимировна

Рис. 9. Сотрудники группы лука

Fig. 9. Onions group members

Томат

С коллекцией томата работал акад. Д. Д. Брежнев, затем его работу продолжили кандидаты с.-х. наук

Е. Я. Глущенко, И. Б. Гаранько, И. А. Храпалова (рис. 10).
В настоящее время куратор коллекции Д. А. Фатеев.



Брежнев
Дмитрий Данилович



Глущенко
Елизавета Яковлевна



Гаранько
Ирина Борисовна



Храпалова
Ирина Александровна



Фатеев
Дмитрий Андреевич

Рис. 10. Сотрудники группы томата

Fig. 10. Tomato group members

Перец, баклажан

С 1926 по 1965 г. работой с коллекциями перца и баклажана, включая создание сортов, руководил канд.

с.-х. наук В. Л. Газенбуш. Затем с коллекциями работали М. В. Воронина и Т. Л. Лоскутова. В настоящее время куратор коллекций канд. с.-х. наук И. В. Гашкова (рис. 11).



Газенбуш
Владимир Люцианович



Воронина
Маргарита Васильевна



Лоскутова
Татьяна Леонидовна



Гашкова
Ирина Валерьевна

Рис. 11. Сотрудники группы перца и баклажана

Fig. 11. Pepper and eggplant group members

Бахчевые культуры

С бахчевыми культурами работали доктора с.-х. наук К. И. Пангало и А. И. Филов, затем с коллекцией арбуза – доктор с.-х. наук Т. Б. Фурса, с коллекцией дыни – кандидат с.-х. наук М. И. Малинина, с коллекцией тыквы и кабачка – кандидаты с.-х. наук З. Д. Артюгина и Л. М. Юдашева, с коллекцией тыквы и дыни – З.Ф. Мутьева (рис. 12). В настоящее время куратор коллекции арбуза – канд. с.-х. наук И. В. Гашкова (рис. 11), коллекции тыквы, кабачка, дыни и огурца – канд. с.-х. наук Т. М. Пискунова (рис. 6).

Изучение и поддержание коллекций овощных и бахчевых культур не представляется возможным без лаборантов, специалистов (С. Л. Вандышевой, Т. В. Кивоевко, Г. Л. Чудовой, Т. В. Литвиновой, Т. К. Барышниковой, Е. И. Дяченко, Е. С. и С. С. Абремских, Ю. Б. Жогойной, Я. А. Горшковой, В. А. Авдеевой) и аспирантов (рис. 13).

Этапы работы отдела

Первый этап – с 1920 по 1930 гг. – сбор и изучение исходного материала, начало селекционной работы с овощными культурами.

Первые зарубежные сорта овощных культур поступили в коллекцию ВИПБиНК в результате поездки Н. И. Вавилова в страны Западной Европы, США и Канаду (1921–1922 гг.), а также сборов Е. Н. Синской в 1922–1923 гг. Это образцы томата, капусты, репы, тыквы, дыни, арбуза. Первые отечественные селекционные и местные сорта были привлечены через Всесоюзную сельскохозяйственную выставку, затем из экспедиций (в Афганистан, Иран, Армению, Турцию).

В 1924–1925 гг. приступили к изучению собранной коллекции.

В дальнейшем коллекция интенсивно пополнялась с помощью сельскохозяйственных учреждений страны и экспедиций, прежде всего в страны древней земледельческой культуры: Н. И. Вавилова в 1926–1929 гг. в Средиземноморье, Эфиопию, Зап. Китай, Корею, Японию, Тайвань, где было собрано 1134 образца овощных и бахчевых культур; П. М. Жуковского в Малую Азию, Сирию в 1925–1927 гг. (2015 обр.); В. В. Марковича в Индию, Японию, Китай в 1926–1928 гг. (595 обр.); Е. Н. Синской в Японию в 1928–1929 гг. (собрано 458 обр.).

К концу 1928 г. коллекция овощных культур включала 15 400 образцов.

На основании проведенных исследований были выделены исходные образцы и созданы лучшие сорта, одни из первых в государственном сортоиспытании.

Второй этап – с 1931 г. до начала Великой Отечественной войны, когда наблюдалось расширение посевов под овощными культурами. Выросли требования к сортам для различных эколого-географических зон страны и разных видов использования. Отдел приступил к углубленному изучению исходного материала. На опытных станциях была организована селекционная работа и семеноводство наиболее ценных сортов. Разработаны рекомендации селекционным, семеноводческим учреждениям, производству.

К началу Великой Отечественной войны коллекция включала 21 500 образцов.

Третий этап – с 1941 по 1948 гг. В начале Великой Отечественной войны в отделе осталась малочисленная группа сотрудников, которая организовала вывоз основ-



Пангало
Константин Иванович



Фурса
Татьяна Борисовна



Малинина
Мария Ивановна



Артюгина
Зоя Дмитриевна



Юлдашева
Ленина Мухамеджановна



Мутьева
Зинаида Федоровна

Рис. 12. Сотрудники группы бахчевых культур

Fig. 12. Cucurbits group members

ных коллекций на Урал (Красноуфимская селекционная станция), их сохранение и изучение.

С 1944 г. после возвращения в Ленинград возобновилась работа по углубленному ботаническому и географическому изучению коллекций, были разработаны и дополнены внутривидовые классификации овощных и бахчевых культур. В 1944–1945 гг. возобновлена селекционно-семеноводческая работа с овощными культурами на опытных станциях ВИР.

С 1946 г. возобновился сбор коллекций отечественного и зарубежного видового и сортового разнообразия овощных культур, в том числе погибшего во время войны.

В 1948 г. опубликовано переработанное «Руководство по апробации овощных культур и кормовых корнеплодов». Даны рекомендации селекционным и семеноводческим организациям и непосредственно производству по рациональному использованию мировых растительных ресурсов овощных культур в стране.

На четвертом этапе работы отдела (1948–1990 гг.)

с возобновлением регулярной экспедиционной деятельности ВИР коллекция овощных культур пополнялась особенно интенсивно. Была обследована вся территория бывшего СССР, организованы экспедиционные сборы в Китай, Индию, Японию. Путем систематического обмена с международными генными банками и селекционными компаниями стран Старого и Нового света мобилизованы дикорастущие и селекционные образцы овощных культур с ценными для условий РФ признаками.

Изучение коллекций приняло более разносторонний характер: развернуты исследования по биохимии, физиологии, иммунитету, генетике, анатомии и морфологии овощных и бахчевых культур. Большое внимание уделялось исследованиям проблемы гетерозиса. Значительно расширена работа с овощными культурами в защищенном грунте. Отрегулирована система поддержания в живом виде коллекционных образцов на опытных станциях. Положено начало закладке образцов на длительное хранение в герметически закрытой таре в Национальное хранилище.



Рис. 13. Сотрудники отдела овощных и бахчевых культур, 2020-е гг.

Fig. 13. Staff members of the Vegetable and Cucurbit Crops Department, the 2020s

Отдел подготовил восемь томов «Культурной флоры СССР»: Пасленовые культуры томат, баклажан, паслен, земляная груша, перец, физалис, мандрагора (Brezhnev et al., 1958), Корнеплодные растения свекла, морковь, петрушка, сельдерей, пастернак (в двух томах) (Krasochkin et al., 1971), Лук (Kazakova, 1978), Тыквенные (в двух томах) (Fursa, Filov..., 1982; Pyzhenkov, Malinina, 1994), Капуста (Lizgunova, 1984), Репа, брюква, редис, редька (Shebalina, Sazonova, 1985), Листовые овощные растения (Girenko et al., 1988).

Пятый этап – с 1991 года.

В начале этого периода от системы ВИР отошли 6 опытных станций: Устимовская и Крымская помологическая (Украина), Приаральская (Казахстан), Среднеазиатская (Узбекистан), Туркменская (Туркмения), Сухумская (Абхазия). На оставшиеся станции возросла нагрузка по поддержанию коллекционных образцов живом виде и их изучению.

Важнейшую роль в сохранении коллекционного материала играет построенное в 2000–2001 гг. низкотемпературное хранилище семян в регулируемых условиях, позволяющее значительно сократить объемы и сроки пересева образцов, а также обеспечивающее их сохранение в генетической чистоте.

В настоящее время мировая коллекция отдела генетических ресурсов овощных и бахчевых культур ВИР включает 53 162 образца из 98 стран мира, принадлежащих 32 семействам, 148 родам, 610 видам и отражает естественное разнообразие культурных растений и их дикорастущих родичей, а также включает достижения современной селекции и генетический материал. Уникальность коллекций 50–80% (Artemyeva, 2024).

На протяжении свыше столетия в ВИР были проведены 448 экспедиций, которые собирали овощные культуры на пяти континентах.

За последние 15 лет проведены 30 экспедиций по сбору дикорастущих растений (прежде всего родов

Lactuca, *Spinacea*, *Daucus*, *Allium*, *Cichorium*) и местных форм овощных и бахчевых культур по территории России, в том числе Крыма, Кабардино-Балкарии, Адыгеи, Карачаево-Черкесии, Северо-Западного, Центрального, Приволжского регионов, Алтая, Дальнего Востока, а также стран ближнего зарубежья: Абхазии, Азербайджана, Армении, Грузии, Казахстана, Кыргызстана, Таджикистана, Узбекистана, Украины, в ходе которых собрано более 4 тысяч образцов (Korniyukhin, Talovina, 2016; Artemyeva, Abremenskaya, 2018; Kurina et al., 2018, 2020; Talovina et al., 2023).

В коллекцию привлекаются образцы, созданные в Российских селекцентрах: ФНЦО, РГАУ-МСХА им. К.А. Тимирязева, СибНИИРС, ДальНИИСХ и др.; в селекцентрах стран СНГ: Белорусском НИИ овощеводства, БелиГиЦ, Казахском НИИ плодовоовощеводства; образцы из зарубежных генных банков Германии, Нидерландов, Испании, Китая, Южной Кореи; зарубежных НИИ: Университета Вагенингена (Нидерланды), Китайского Северо-восточного Университета (Харбин), НИИ овощных и цветочных культур (Пекин); российских и зарубежных селекционно-семеноводческие фирм.

В последнее время очень возросло значение пряно-кусовых и лекарственных культур, особенно в связи с распространением альтернативных методик лечения и нутрициологии, и значение их будет возрастать по мере роста заинтересованности общества в здоровье людей. Коллекция пряно-ароматических, малораспространенных зеленых, лекарственных, декоративных культур ВИР представлена 29 ботаническими семействами, включает 93 рода и 317 видов, регулярно пополняется новыми культурами и новыми типами сортов (Kurina et al., 2023a, b).

В ВИР разработаны и продолжают дополняться оригинальные методики сохранения, поддержания и всестороннего изучения мировых коллекций овощных и бахчевых культур. Основные направления изучения генофонда: ботанико-агробиологическое, эколого-геогра-

фическое, морфологическое, физиолого-биохимическое, иммунологическое (Artemyeva et al., 2024).

Основной принцип изучения коллекции – разносторонняя оценка генофонда с целью выделения высокоэффективных генотипов по важнейшим направлениям селекции. Основные направления селекции овощных и бахчевых культур (ОБК) в РФ и основные направления эколого-географического изучения изменчивости признаков образцов коллекции: продуктивность; различная длительность вегетационного периода; адаптивность; устойчивость к биотическим и абиотическим стрессорам; накопление питательных (и антипитательных) веществ, создание функциональных продуктов питания, сортов для консервной промышленности (Artemyeva et al., 2021; Gashkova et al., 2021; Soloveva et al., 2021; Kurina et al., 2021, 2023a, b, 2025; Artemyeva, Kurina, 2024; Korniyukhin, Ermolaeva, 2025; Ogudin et al., 2025; Sokolova et al., 2023, 2024; Kiselev, Sokolova, 2025; Shipilina, Khmelinskaya, 2024; Khmelinskaya, 2022; Piskunova et al., 2023; Piskunova, 2025). Новые направления селекции и изучения: карликовость, порционность, различная, в том числе оригинальная, форма и окраска продуктивных органов, декоративность, пригодность для современных технологий возделывания (малообъемная, для длительного плодоношения, при сниженной освещенности, уменьшении площади питания, интенсивная светокультура). Направления изучения конкретных культур: тыквы – многоплодность, голосемянность, мякоть типа спагетти, кустовой габитус, короткоплетистость, огурца – одностебельность, генетическое отсутствие горечи в плодах, перца – толщина перикарпия, и др.

В ВИР ежегодно пополняются признаковые коллекции по основным направлениям селекции. Особое внимание при этом уделяется характеристике образцов по скороспелости, лежкости при длительном хранении, холодостойкости, засухо- и жаростойкости, особенностям развития, биологии цветения, устойчивости к болезням и вредителям, химическому составу.

За последние 5 лет выделено 1255 источников ценных хозяйственных признаков.

Сформирована генетическая коллекция овощных культур, насчитывающая около 1000 образцов. Идентифицированный генофонд, представленный в генетической коллекции, является основой для создания доноров селекционно ценных признаков. Представляют интерес для селекции мутанты по гену карликовости многих овощных культур. Ценный исходный материал для ускорения селекции – коллекция гомозиготных линий удвоенных гаплоидов.

Генетические исследования включают изучение генетического разнообразия, в том числе для целей мобилизации, филогенетические исследования, QTL и ассоциативное картирование, скрининг образцов коллекции целевыми маркерами, сцепленными с ценными признаками, для маркерной помощи отбору (MAS) начато секвенирование геномов овощных культур (Berensen et al., 2023; Fateev et al., 2023; Fateev, Artemyeva, 2020, 2025; Mikhailova et al., 2024).

Отдел ГР ОБК ведет большую селекционную работу: за 25 лет в отделе создано 70 сортов 25 культур с высокими биохимическими показателями: томат 'Цыпа F1', морковь 'Фея', 'Принцесса', 'Деликатесная', 'Аркадия', 'Скоровская', редис 'Фламинго Розовый', 'Викуся', свекла 'Валента', 'Бордо Односемянная', 'Вировская Односемянная', тыква 'Волшебная Карета', 'Димка', 'Марсианка', кабачок 'Изумрудный', 'Фазенда', кружок 'Золотая Шейка', патиссон 'Золотой Медальон', капуста цветная 'Царевна', 'Ариэль', капуста декоративная 'Афродита', 'Карменсита', капуста пекинская 'Ворожея', капуста китайская 'Аленушка', 'Лебедушка', 'Пава', 'Юна', 'Мэгги', 'ВитаВИР', капуста розеточная 'Королла', капуста японская 'Русалочка', репа 'Палитра', турнепс 'Удачный', 'Афико', брюква 'Бригантина', 'Вирика', салат 'Балет', укроп 'Анна', эндивий 'Кружево', салат цикорный 'Эльвира', душица 'Северное Сияние', змееголовник 'Горгона', фенхель 'Корвет', горчица 'Прелестная', амарант 'Франт' и другие.

Число возделываемых в России видов овощных растений растет, что повышает качество жизни населения.

Таким образом, коллекция овощных и бахчевых культур ВИР является важнейшим источником материала для раскрытия общебиологических закономерностей роста, развития, для генетических и селекционных исследований.

В условиях глобальных климатических изменений, усиления влияния биотических и абиотических стрессоров, а также растущих требований к продовольственной безопасности и качеству питания, традиционные методы селекции овощных культур сталкиваются с ограничениями по скорости и эффективности. Актуальным становится интеграция классических селекционных подходов с биотехнологическими методами, среди которых ключевое место занимают клеточные технологии. Они позволяют сократить сроки создания нового исходного материала, преодолеть биологические барьеры скрещивания, сохранить и быстро размножить ценные генотипы.

В связи с актуальностью введения клеточных технологий в селекционные программы отдела генетических ресурсов овощных и бахчевых культур Федерального исследовательского центра Всероссийского института генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова в 2022 году создана молодежная лаборатория селекции и клеточных технологий. Данное решение отражает стратегический курс института на омоложение кадрового потенциала, внедрение новейших методик и укрепление связи между фундаментальными исследованиями генетических ресурсов и прикладной селекцией. Коллектив молодежной лаборатории сформирован из магистрантов, аспирантов и молодых ученых в возрасте до 39 лет. Целью исследований новой лаборатории является оценка исходного материала и ускоренное создание новых высокопродуктивных форм, сортов и гибридов овощных культур, лекарственных и ароматических растений, отличающихся высокими качественными показателями, устойчивостью к неблагоприятным факторам среды путем сочетания биохимических, молекулярно-генетических, традиционных методов селекции и клеточных тех-

нологий (Kurina, Artemyeva, 2022; Aslanova, Kurina, 2023; Zaretsky et al., 2023; Zagrukhina, Kurina, 2024).

Создание молодежной лаборатории знаменует новый этап в развитии отдела овощных и бахчевых культур. Интегрируя методы *in vitro*, молекулярной генетики и фитохимии в классический селекционный процесс, лаборатория не только решает актуальные производственные задачи, но и вносит существенный вклад в фундаментальную науку, изучая механизмы наследственности и изменчивости на клеточном уровне. Это делает ее неотъемлемым и перспективным структурным звеном, работа которого направлена на обеспечение технологического суверенитета страны в области семеноводства и создания новых сортов овощных и лекарственных культур.

В преемственности поколений залог больших творческих успехов в развитии отечественной селекции, семеноводства и производства ценных продуктов питания для населения нашей страны.

Заключение

История изучения овощных и бахчевых культур во Всероссийском институте генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова (ВИР) представляет собой выдающийся пример преемственного развития отечественной науки на протяжении столетия. Начавшись в конце XIX века в Бюро по прикладной ботанике, это направление оформилось в научную систему под руководством Н. И. Вавилова и прошло несколько ключевых этапов: от сбора мирового генофонда и его изучения до становления масштабной селекционной работы, испытания военных лет и послевоенного восстановления, а затем – до углубленного комплексного исследования и систематизации в рамках многотомной «Культурной флоры СССР».

Сегодня коллекция отдела генетических ресурсов овощных и бахчевых культур ВИР, насчитывающая свыше 53 тысяч образцов из 98 стран мира, является национальным достоянием и уникальной базой для современных исследований. Ее формирование – результат огромного труда нескольких поколений ученых и селекционеров. Преемственность научных школ, нашедшая отражение в работе с отдельными культурами (капуста, томат, морковь, лук, бахчевые и др.), обеспечила не только сохранение, но и углубленное изучение этого ценного материала.

На каждом историческом этапе исследования были направлены на создание сортов, отвечающих вызовам времени: необходимости интенсификации сельского хозяйства, обеспечения продовольственной безопасности, адаптации к различным экологическим условиям и, наконец, повышения качества питания населения. Современные приоритеты работы – выявление источников устойчивости к биотическим и абиотическим стрессам, создание функциональных продуктов питания, разработка сортов для современных технологий возделывания.

Открытие в 2022 году молодежной лаборатории селекции и клеточных технологий показывает важный

переход к новому этапу. Интеграция классических методов селекции с передовыми биотехнологическими подходами (клеточные технологии, молекулярная генетика, маркер-вспомогательный отбор) открывает качественно новые возможности для ускоренного создания конкурентоспособных сортов и гибридов.

Таким образом, пройдя долгий путь, отдел овощных и бахчевых культур ВИР сохранил и приумножил лучшие традиции отечественной школы генетики и селекции растений.

References / Литература

- Artemyeva A.M. VIR worldwide collection of vegetable and cucurbit crops: formation, status and modern research activities. *Acta Horticulturae*. 2024;1391:283-290 DOI: [10.17660/ActaHortic.2024.1391.39](https://doi.org/10.17660/ActaHortic.2024.1391.39)
- Artemyeva A.M., Abremskaya S.S. Mobilization of local accessions of vegetable crops, cucurbits and leguminous crops during the expedition to the Republic of Armenia in 2017. *Proceedings on Applied Botany, Genetics and Breeding*. 2018;179(1):5-12. [in Russian] (Артемяева А.М., Абремская С.С. Мобилизация местных образцов овощных, бахчевых и зернобобовых культур в ходе экспедиции по республике Армения в 2017 году. *Труды по прикладной ботанике, генетике и селекции*. 2018;179(1):5-12). DOI: [10.30901/2227-8834-2018-1-5-12](https://doi.org/10.30901/2227-8834-2018-1-5-12)
- Artemyeva A.M., Kurina A.B. Eco-Geographical and Botanical Patterns of Resistance to Lepidoptera Insects in *Brassica rapa* L. *Plants*. 2024;13(5):673. DOI: [10.3390/plants13050673](https://doi.org/10.3390/plants13050673)
- Artemyeva A.M., Piskunova T.M., Khmelinskaya T.V., Sokolova D.V., Gashkova I.V., Kurina A.B., Zvereva O.A., Korniyukhin D.L., Fateev D.A., Shumilina V.V., Igumnova M.M. Guidelines for the management and maintenance of the global collections of vegetable and cucurbit crops at VIR. St. Petersburg: VIR; 2024a. [in Russian] (Артемяева А.М., Пискунова Т.М., Хмелинская Т.В., Соколова Д.В., Гашкова И.В., Курина А.Б., Зверева О.А., Корнюхин Д.Л., Фатеев Д.А., Шумилина В.В., Игумнова М.М. Методические указания по менеджменту и поддержанию мировых коллекций овощных и бахчевых культур ВИР. Санкт-Петербург: ВИР; 2024).
- Artemyeva A.M., Sinyavina N.G., Panova G.G., Chesnokov Yu.V. *Brassica rapa* L. vegetable crops for intensive light culture. *Agriculture biology*. 2021;56(1):103-120. [in Russian] (Артемяева А.М., Синявина Н.Г., Панова Г.Г., Чесноков Ю.В. Капустные овощные культуры вида *Brassica rapa* L. для интенсивной светокультуры. *Сельскохозяйственная биология*. 2021;56(1):103-120). DOI: [10.15389/agrobiology.2021.1.103rus](https://doi.org/10.15389/agrobiology.2021.1.103rus)
- Aslanova A.A., Kurina A.B. Induction of embryogenesis in *Brassica rapa* L. isolated microspore culture. *Plant Biotechnology and Breeding*. 2023;6(3):14-24 [in Russian] (Асланова А.А., Курина А.Б. Индукция эмбриогенеза в культуре изолированных микроспор *Brassica rapa* L. *Биотехнология и селекция растений*. 2023;6(3):14-24). DOI: [10.30901/2658-6266-2023-3-01](https://doi.org/10.30901/2658-6266-2023-3-01)
- Berensen F.A., Piskunova T.M., Kuzmin S.V., Moskalu A.F., Antonova O.Y., Artemyeva A.M. Molecular screening of squash and patisson squash collection samples using markers of the Pm-0 gene, which controls resistance to powdery mildew. *Ecological Genetics*. 2023;21(2):107-121. [in Russian] (Беренсен Ф.А., Пискунова Т.М., Кузьмин С.В., Москалу А.Ф., Антонова О.Ю., Артемяева А.М. Молекулярный скрининг образцов коллекции кабачка и патиссона с использованием маркеров гена *Pm-0*, контролирующего устойчивость к мучнистой росе. *Экологическая генетика*. 2023;21(2):107-121). DOI: [10.17816/ecogen110988](https://doi.org/10.17816/ecogen110988)
- Brezhnev D.D., Boos G.V. The Importance of the World Collection of Vegetable Crops in the Creation of the Scientific Foundations of Soviet Vegetable Growing (Znachenie mirovoy kollektsii ovoshchnykh kul'tur v sozdaniy nauchnykh osnov sovetskogo ovoshchevodstva). 1969;41(1):235-263. [in Russian] (Брежнев Д.Д., Боос Г.В. Значение мировой коллекции овощных культур в создании научных основ советского овощеводства. *Труды по прикладной ботанике, генетике и селекции*.

- 1969;41(1):235-263).
- Brezhnev D.D., Gazenbush V.L., Kameraz A.Ya., Medvedev P.F., Mizgireva O.F., Filov A.I. Flora of cultivated plants. Vol. XX. Vegetable plants Fam. Solanaceae (tomato, common eggplant, black nightshade, pepino, pepper, husk-tomato, mandrake). Published under the general editorship of P.M. Zhukovsky; D.D. Brezhnev. (ed. vol.). Moscow, Leningrad: State Publishing House of Agricultural Literature; 1958. [in Russian] (Культурная флора СССР Т. XX. Овощные пасленовые (томат, баклажан, черный паслен, дынная груша, перец, физалис, мандрагора) / под общ. руководством П.М. Жуковского; Д.Д. Брежнев, В.Л. Газенбуш, А.Я. Камераз, П.Ф. Медведев, О.Ф. Мизгирева, А.И. Филлов; ред. т. Д.Д. Брежнев. Москва, Ленинград: Государственное издательство сельскохозяйственной литературы; 1958).
- 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](https://doi.org/10.30901/2227-8834-2020-3-91-99)
- Fateev D.A., Artemyeva A.M. Anthocyanin content and polymorphism of MYB114 gene in leafy vegetable crops of *Brassica rapa* L. *Agrophysics*. 2025;(1):40-46. [in Russian] (Фатеев Д.А., Артемьева А.М. Общее содержание антоцианов и полиморфизм гена MYB114 у культур вида репа (*Brassica rapa* L.). *Агрофизика*. 2025;(1):40-46). DOI: <https://doi.org/10.25695/AGRP.2025.01.06>
- Fateev D.A., Berensen F.A., Artemyeva A.M., Babak O.G., Yatsevich K.K., Drozd E.V., Kilchevsky A.V. Study of the MYB114 Gene Polymorphism in the Cole Crops (*Brassica oleracea* L.) in Connection with Anthocyanin Biosynthesis Regulation Based on Comparison with the MYB Factors of Vegetable Nightshades (Solanaceae). *Russian Journal of Genetics*. 2023;59:30-39. DOI: [10.1134/S1022795423010040](https://doi.org/10.1134/S1022795423010040)
- Fursa T.B., Filov A.I. Flora of cultivated plants. Vol. XXI. Cucurbitaceae (Citrullus, Cucurbita). Published under the general editorship of D.D. Brezhnev; O.N. Korovina, T.B. Fursa (eds vol.). Moscow: Kolos; 1982. [in Russian] (Фурса Т.Б., Филлов А.И. Культурная флора СССР. Т. XXI. Тыквенные (арбуз, тыква) / под общ. руководством Д.Д. Брежнева; ред. т.: О.Н. Коровина, Т.Б. Фурса. Москва: Колос; 1982).
- Gashkova I.V., Solovyeva A.E., Kurina A.B. Comparative characteristics of the biochemical composition of VIR eggplant collection in a greenhouse. *Vegetable Crops of Russia*. 2021;(1):87-95. [in Russian] (Гашкова И.В., Соловьева А.Е., Курина А.Б. Сравнительная характеристика биохимического состава образцов баклажана коллекции ВИР в защищенном грунте. *Овощи России*. 2021;(1):87-95). DOI: [10.18619/2072-9146-2021-1-87-95](https://doi.org/10.18619/2072-9146-2021-1-87-95)
- Girenko M.M., Ivanova K.V., Komarova R.A., Koren N.F., Tsytoich K.I., Shilova S.N. Flora of cultivated plants. Vol. XII. Leaves vegetable plants (asparagus, rhubarb, sorrel, spinach, purslane, garden cress, dill, chicory, lettuce). Published under the general editorship of V.F. Dorofeev; M.M. Girenko, O.N. Korovina (eds vol.). Leningrad: Agropromizdat, Leningrad branch; 1988. [in Russian] (Культурная флора СССР / Т. XII. Листовые овощные растения (спаржа, ревень, щавель, шпинат, портулак, кресс-салат, укроп, цикорий, салат) / под общ. руководством В.Ф. Дорофеева; М.М. Гиренко, К.В. Иванова, Р.А. Комарова, Н.Ф. Корень, К.И. Цытович, С.Н. Шилова; ред. т.: М.М. Гиренко, О.Н. Коровина. Ленинград: Агропромиздат, Ленинградское отделение; 1988).
- Kazakova A.A. Flora of cultivated plants. Vol. X. Allium. Published under the general editorship of D.D. Brezhnev; P.M. Zhukovsky, O.N. Korovina (eds vol.). Leningrad: Kolos, Leningrad branch; 1978. [in Russian] (Казакова А.А. Культурная флора СССР. Т. X. Лук / под общ. Д.Д. Брежнева; ред. т.: П.М. Жуковский, О.Н. Коровина. Ленинград: Колос, Ленинградское отделение; 1978).
- Khmelninskaya T.V. Initial material for breeding of fodder carrots and new varieties. *Sugar Beet*. 2022;(7):35-36. [in Russian] (Хмелинская Т.В. Исходный материал для селекции кормовой моркови и новые сорта. *Сахарная свекла*. 2022;(7):35-36). DOI: [10.25802/2982.2022.97.41.009](https://doi.org/10.25802/2982.2022.97.41.009)
- Kiselev E.G., Sokolova D.V. Potential of the VIR Spinach collection for use in breeding. *Vegetable Crops of Russia*. 2025;(2):36-44. [in Russian] (Киселев Е.Г., Соколова Д.В. Потенциал коллекции шпината ВИР для использования в селекции. *Овощи России*. 2025;(2):36-44). DOI: [10.18619/2072-9146-2025-2-36-44](https://doi.org/10.18619/2072-9146-2025-2-36-44)
- Kornyukhin D.L., Ermolaeva L.V. Resistance of radish to cruciferous flea and cabbage flies in the conditions of the North-West region of Russia. *Agrophysics*. 2025;(1):34-39. [in Russian] (Корнюхин Д.Л., Ермолаева Л.В. Устойчивость редьки к крестоцветным блошкам и капустным мухам в условиях Северо-Западного региона России. *Агрофизика*. 2025;(1):34-39). DOI: [10.25695/AGRP.2025.01.05](https://doi.org/10.25695/AGRP.2025.01.05)
- Kornyukhin D.L., Talovina G.V. Research and collection of vegetable and cucurbit crop genetic resources in the territory of Kyrgyzstan in 2014. *Proceedings on Applied Botany, Genetics and Breeding*. 2016;177(3):5-13. [in Russian] (Корнюхин Д.Л., Таловина Г.В. Экспедиционное обследование территории Кыргызстана с целью сбора и изучения генетических ресурсов овощных и бахчевых культур в 2014 году. *Труды по прикладной ботанике, генетике и селекции*. 2016;177(3):5-13). DOI: [10.30901/2227-8834-2016-3-5-13](https://doi.org/10.30901/2227-8834-2016-3-5-13)
- Krasochkin V.T., Sechkarev B.I., Sazonova L.V., Levandovskaya L.I. Flora of cultivated plants. Vol. XIX. Root crops (Fam. Chenopodiaceae – beet, Fam. Umbelliferae – carrot, parsley, celery, parsnip). Published under the general editorship of P.M. Zhukovsky; V.T. Krasochkin, B.I. Sechkarev, L.A. Sazonova, L.I. Levandovskaya; V.T. Krasochkin (ed. vol.). Leningrad: Kolos; 1971. [in Russian] (Красочкин В.Т., Сечкарев Б.И., Сазонова Л.В., Левандовская Л.И. Культурная флора СССР Т. XIX. Корнеплодные растения (семейство Маревых – свекла, семейство Зонтичных – морковь, петрушка, сельдерей, пастернак) / под общ. руководством П.М. Жуковского; В.Т. Красочкин, Б.И. Сечкарев, Л.А. Сазонова, Л.И. Левандовская; ред. т. В.Т. Красочкин. Ленинград: Колос; 1971).
- Kurina A.B., Artemyeva A.M. Possibilities of biotechnological methods in breeding of vegetable crops at the VIR Laboratory of Breeding and Cell Technologies. *Plant Biotechnology and Breeding*. 2022;5(4):55-64. [in Russian] (Курина А.Б., Артемьева А.М. Возможности использования биотехнологических методов в селекции овощных культур в лаборатории селекции и клеточных технологий ВИР. *Биотехнология и селекция растений*. 2022;5(4):55-64). DOI: [10.30901/2658-6266-2022-4-02](https://doi.org/10.30901/2658-6266-2022-4-02)
- Kurina A.B., Ermolenko K.A., Solovyeva A.E. Comparative study of antioxidant activity of VIR *Eruca sativa* Mill. and *Diplotaxis tenuifolia* (L.) DC. collections. *Technology in Horticulture*. 2025;5:e006. DOI: [10.48130/tihort-0024-0032](https://doi.org/10.48130/tihort-0024-0032)
- Kurina A.B., Kalashnikova L.M., Paritov A.Yu., Kirzhinov G.Kh., Artemyeva A.M. Mobilization of plant genetic resources from the territory of the Kabardino-Balkarian Republic. *Proceedings on Applied Botany, Genetics and Breeding*. 2020;181(3):9-16. [in Russian] (Курина А.Б., Калашникова Л.М., Паритов А.Ю., Киржинов Г.Х., Артемьева А.М. Мобилизация генетических ресурсов растений с территории Кабардино-Балкарской Республики. *Труды по прикладной ботанике, генетике и селекции*. 2020;181(3):9-16). DOI: [10.30901/2227-8834-2020-3-9-16](https://doi.org/10.30901/2227-8834-2020-3-9-16)
- Kurina A.B., Korniyukhin D.L., Chebukin P.A. Exploration and collecting of wild *Lactuca* L. species, vegetable and cucurbit crop genetic resources in Primorsky and Khabarovsk regions of the Russian Federation in 2017. *Proceedings on Applied Botany, Genetics and Breeding*. 2018;179(1):13-22. [in Russian] (Курина А.Б., Корнюхин Д.Л., Чебукин П.А. Экспедиционное обследование территории Приморского и Хабаровского краев РФ в целях мобилизации диких видов рода *Lactuca* L., овощных и бахчевых культур в 2017 году. *Труды по прикладной ботанике, генетике и селекции*. 2018;179(1):13-22). DOI: [10.30901/2227-8834-2018-1-13-22](https://doi.org/10.30901/2227-8834-2018-1-13-22)
- Kurina A.B., Solovieva A.E., Khrapalova I.A., Artemyeva A.M. Biochemical composition of tomato fruits of various colors. *Vavilov Journal of Genetics and Breeding*. 2021;25(5):514-527. DOI: [10.18699/VJ21.058](https://doi.org/10.18699/VJ21.058)
- Kurina A.B., Zheleznova K.O., Solovyeva A.E., Sinyavina N.G., Panova G.G., Artemyeva A.M. Morphological and biochemical variability of VIR garden cress (*Lepidium sativum* L.) collection under intensive light culture. *Agricultural Biology*. 2023a;58(5):889-901. [in Russian] (Курина А.Б., Железнова К.О., Соловьева А.Е., Синявина Н.Г., Панова Г.Г., Артемьева А.М. Морфологическая и биохимическая изменчивость ВИР салата кресс (*Lepidium sativum* L.) коллекции под интенсивным светом. *Агрофизика*. 2023a;58(5):889-901).

- Соловьева А.Е., Синявина Н.Г., Панова Г.Г., Артемьева А.М. Изменчивость морфологических и биохимических признаков кресс-салата (*Lepidium sativum* L.) из коллекции ВИР в условиях интенсивной светокультуры. *Сельскохозяйственная биология*. 2023a;58(5):889-901. DOI: [10.15389/agrobiology.2023.5.889rus](https://doi.org/10.15389/agrobiology.2023.5.889rus)
- Kurina A.B., Zvereva O.A., Artemeva A.M. Aromatic and medicinal plants gene pool from the VIR collection: diversity and potential. *Acta Horticulturae*. 2023b;1358:1-8. DOI: [10.17660/ActaHortic.2023.1358.1](https://doi.org/10.17660/ActaHortic.2023.1358.1)
- Lizgunova T.V. Flora of cultivated plants. Vol. XI. Cabbage. Published under the general editorship of V.F. Dorofeev; D.D. Brezhnev, O.N. Korovina (eds vol.). Leningrad: Kolos, Leningrad branch; 1984. [in Russian] (Лизгунова Т.В. Культурная флора СССР. Т. XI. Капуста / под общ. руководством В.Ф. Дорофеева; ред. т.: Д.Д. Брежнев, О.Н. Коровина. Ленинград: Колос, Ленинградское отделение; 1984).
- Mikhailova A.S., Sokolova D.V., Shvachko N.A., Popov V.S., Khlestkina E.K. Allelic differences in the key genes of betalain biosynthesis in table beet accessions with contrasting root color from the VIR collection. *Proceedings on Applied Botany, Genetics and Breeding*. 2024;185(1):139-151. [in Russian] (Михайлова А.С., Соколова Д.В., Швачко Н.А., Попов В.С., Хлесткина Е.К. Аллельные различия ключевых генов биосинтеза беталаинов у контрастных по окраске корнеплода образцов свеклы столовой коллекции ВИР. *Труды по прикладной ботанике, генетике и селекции*. 2024;185(1):139-151). DOI: [10.30901/2227-8834-2024-1-139-151](https://doi.org/10.30901/2227-8834-2024-1-139-151)
- Ogudin G.S., Kornukhin D.L., Artemyeva A.M. Chinese cabbage assessment reaction to black rot *Xanthomonas campestris* (Pammel) Dowson infection. *Vegetable Crops of Russia*. 2025;(4):132-139. [in Russian] (Огудин Г.С., Корнюхин Д.Л., Артемьева А.М. Оценка реакции капусты пекинской на заражение сосудистым бактериозом *Xanthomonas campestris* (Pammel) Dowson. *Овощи России*. 2025;(4):132-139). DOI: [10.18619/2072-9146-2025-4-132-139](https://doi.org/10.18619/2072-9146-2025-4-132-139)
- Piskunova T.M. World collection of cucumber VIR is a source of new valuable initial material for breeding. *Agrophysics*. 2025;(2):1-9. [in Russian] (Пискунова Т.М. Мировая коллекция огурца ВИР – источник нового ценного исходного материала для селекции. *Агрофизика*. 2025;(2):1-9). DOI: [10.25695/AGRPH.2025.02.01](https://doi.org/10.25695/AGRPH.2025.02.01)
- Piskunova T.M., Shelenga T.V., Ozersky P.V., Solovyeva A.E. Carotenoids and carotenes in the fruits of *Cucurbita maxima*, *C. moschata* and *C. pepo* under the conditions of Northwestern Russia. *Proceedings on Applied Botany, Genetics and Breeding*. 2023;184(1):118-127. DOI: [10.30901/2227-8834-2023-1-118-127](https://doi.org/10.30901/2227-8834-2023-1-118-127)
- Pyzhenkov V.I., Malinina M.I. Flora of cultivated plants. Vol. XXI, [part 2]. Cucurbitaceae (*Cucumis sativus* L., *Cucumis melo* L.). V.I. Pyzhenkov (ed. vol.). Moscow: Kolos; 1994. [in Russian] (Пыженков В.И., Малинина М.И. Культурная флора. Vol. XXI, [ч. 2]. Тыквенные (огурец, дыня) / ред. т.: В.И. Пыженков. Москва: Колос; 1994).
- Flora of cultivated plants. Vol. XVIII: Brassicaceae – turnip, rutabaga, swede, radish, small radish. Leningrad; 1985. [in Russian] (Шебалина М.А., Сазонова Л.В. Культурная флора СССР. Т. XVIII: Семейство Капустные – репа, турнепс, брюква, редька, редис. Ленинград; 1985).
- Shebalina M.A., Sazonova L.V. Flora of cultivated plants. Vol. XVIII. Root crops (brassica – turnip, rutabaga, Radish, small, radish). Published under the general editorship of V.F. Dorofeev; V.T. Krasochkin, V.I. Burenin (eds vol.). Leningrad: Agropromizdat, Leningrad branch; 1985. [in Russian] (Шебалина М.А., Сазонова Л.В. Культурная флора СССР. Т. XVIII. Корнеплодные растения (семейство Капустные – репа, турнепс, брюква, редька, редис) / под общ. руководством В.Ф. Дорофеева; ред. т.: В.Т. Красочкин, В.И. Буренин. Ленинград: Агропромиздат, Ленинградское отделение; 1985).
- Shipilina L.Yu., Khmelinskaya T.V. Collections of the wild *Daucus carota* L. preserved at VIR. *Proceedings on Applied Botany, Genetics and Breeding*. 2024;185(1):16-26. [in Russian] (Шипилина Л.Ю., Хмелинская Т.В. Коллекции дикорастущей *Daucus carota* L., сохраняющиеся в ВИР. *Труды по прикладной ботанике, генетике и селекции*. 2024;185(1):16-26.). DOI: [10.30901/2227-8834-2024-1-16-26](https://doi.org/10.30901/2227-8834-2024-1-16-26)
- Sokolova D.V., Solovieva A.E., Shelenga T.V. Primary metabolites and betanin: their interplay in the roots of Table Beet (*Beta vulgaris* L.). *Vegetable Crops of Russia*. 2023;(2):54-64. DOI: [10.18619/2072-9146-2023-2-54-64](https://doi.org/10.18619/2072-9146-2023-2-54-64)
- Sokolova D.V., Solovieva A.E., Zaretsky A.M., Shelenga T.V. The potential of the amaranth collection maintained at VIR in the context of global plant breeding and utilization trends. *Vavilov Journal of Genetics and Breeding*. 2024;28(7):731-743. [in Russian] (Соколова Д.В., Соловьева А.Е., Зарецкий А.М., Шеленга Т.В. Потенциал коллекции амаранта ВИР в свете мировых тенденций использования и селекции. *Вавиловский журнал генетики и селекции*. 2024;28(7):731-743). DOI: [10.18699/vjgb-24-81](https://doi.org/10.18699/vjgb-24-81)
- Soloveva A.E., Shelenga T.V., Konarev A.K., Kurina A.B., Fateev D.A., Kornukhin D.L., Artemyeva A.M. Nutrient and bioactive substances in VIR Russian brassicas collections. *Turkish Journal of Agriculture and Forestry*. 2021;45:541-556. DOI: [10.3906/tar-2010-95](https://doi.org/10.3906/tar-2010-95)
- Talovina G.V., Kornukhin D.L., Kharchenko A.A. New data on the diversity of crop wild relatives of Sakhalin based on the results of a collecting mission in 2023. *Vavilovia*. 2023;6(4):25-44. [in Russian] (Таловина Г.В., Корнюхин Д.Л., Харченко А.А. Новые данные о разнообразии диких родичей культурных растений Сахалина по результатам экспедиции в 2023 году. *Vavilovia*. 2023;6(4):25-44). DOI: [10.30901/2658-3860-2023-4-03](https://doi.org/10.30901/2658-3860-2023-4-03)
- Zagnukhina N.A., Kurina A.B. Interspecific hybridization and cell engineering of lettuce (*Lactuca* L.). *Proceedings on Applied Botany, Genetics and Breeding*. 2024;185(3):256-264. [in Russian] (Загнухина Н.А., Курина А.Б. Межвидовая гибридизация и клеточная инженерия салата (*Lactuca* L.). *Труды по прикладной ботанике, генетике и селекции*. 2024;185(3):256-264). DOI: [10.30901/2227-8834-2024-3-256-264](https://doi.org/10.30901/2227-8834-2024-3-256-264)
- Zaretsky A.M., Kurina A.B., Sokolova D.V. On the issue of producing doubled haploids of table beet (*Beta vulgaris* L. var. *conditiva* Alef.) (a review). *Proceedings on applied botany, genetics and breeding*. 2023;184(4):232-240. [in Russian] (Зарецкий А.М., Курина А.Б., Соколова Д.В. К вопросу о получении удвоенных гаплоидов столовой свеклы *Beta vulgaris* L. var. *conditiva* Alef. (обзор). *Труды по прикладной ботанике, генетике и селекции*. 2023;184(4):232-240). DOI: [10.30901/2227-8834-2023-4-232-240](https://doi.org/10.30901/2227-8834-2023-4-232-240)

Информация об авторах

Анна Майевна Артемьева, кандидат сельскохозяйственных 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, akme11@yandex.ru, <https://orcid.org/0000-0002-6551-5203>

Анастасия Борисовна Курина, кандидат биологических наук, старший научный сотрудник, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова (ВИР), 190000 Россия, Санкт-Петербург, ул. Большая Морская, 42, 44, nastya_n11@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0002-3197-4751>

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

Information about the authors

Anna M. Artemyeva, Cand. Sci. (Agriculture), Leading Researcher, N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources (VIR), 42, 44, Bolshaya Morskaya Street, St. Petersburg, 190000 Russia, akme11@yandex.ru, <https://orcid.org/0000-0002-6551-5203>

Anastasia B. Kurina, Cand. Sci. (Biology), Senior Researcher, N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources (VIR), 42, 44, Bolshaya Morskaya Street, St. Petersburg, 190000 Russia, nastya_n11@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0002-3197-4751>

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

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

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

Конфликт интересов: авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

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

Статья поступила в редакцию 05.07.2025; одобрена после рецензирования 09.09.2025; принята к публикации 22.09.2025.

The article was submitted on 05.07.2025; approved after reviewing on 09.09.2025; accepted for publication on 22.09.2025.

Геном *Solanum tuberosum* L.: от удвоенного моноплоида к пангеному картофеля

Е. В. Рогозина

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

Автор, ответственный за переписку: Елена Вячеславовна Рогозина, erogozina@vir.nw.ru

Обзорная статья представляет результаты исследования генома картофеля за последние 15 лет: с момента секвенирования первого генома *Solanum tuberosum* L. до настоящего времени – создания линейного и графического пангеномов сортов и родственных видов секции *Petota* Dumort. рода *Solanum* L. Геномный анализ селекционных и местных сортов, гибридных линий и диких видов картофеля обнаружил колоссальное аллельное разнообразие генного пула, комплексность и динамичность наследственной основы одной из ключевых для мирового и российского агропроизводства культур. Анализ структурной вариативности геномов культурного картофеля и его диких родичей выявил их сложную эволюционную историю и влияние доместикизации на разнообразие геномов, локусы и аллели, связанные с важными агрономическими признаками, с устойчивостью к абиотическим и биотическим стрессорам, генетическую основу инбридинговой депрессии. Прогресс в развитии геномики картофеля способствует лучшему пониманию природы фенотипического разнообразия этой важной продовольственной культуры, расширяет возможности исследователей, которые занимаются решением проблем эволюции клубнеобразующих видов рода *Solanum*, частной генетикой и селекцией новых сортов, отвечающих современным требованиям.

Ключевые слова: собранный геном, структурные вариации, ген, аллель, гаплотип, сорт, гибрид, виды секции *Petota*, эволюция, интрогрессия

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

Для цитирования: Рогозина Е.В. Геном *Solanum tuberosum* L.: от удвоенного моноплоида к пангеному картофеля. *Бюллетень ВИР*. 2025;(246):19-37.

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, авторам и их месту работы.

© Рогозина Е.В., 2025

Review article

The genome of *Solanum tuberosum* L.: from a doubled monoploid to the potato pangenome

Elena V. Rogozina**N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources, St. Petersburg, Russia****Corresponding author:** Elena V. Rogozina, erogozina@vir.nw.ru

The review presents the results of potato genome research over the past 15 years: from the sequencing of the first *S. tuberosum* L. genome till nowadays, when linear and graphical pangenomes of cultivars and related species in the *Petota* Dumort. section of the *Solanum* L. genus were created. Genomic analysis of cultivars and landraces, hybrid lines, and wild potato species revealed the enormous allelic diversity of the gene pool, as well as the complexity and dynamics of the genetic basis of one of the key crops for global and Russian agricultural production. Analysis of the structural variability of the cultivated and wild potato genomes revealed their complex evolutionary history and the impact of domestication on genomic diversity, loci, and alleles associated with important agronomic traits, resistance to abiotic and biotic stressors, and the genetic basis of inbreeding depression. Progress in the development of potato genomics contributes to a better understanding of the nature of the phenotypic diversity of this important food crop, expanding the capabilities of researchers engaged in solving problems of the evolution of tuber-forming *Solanum* spp., crop genetics, and breeding of new cultivars that would meet modern requirements.

Keywords: assembled genome, structural variants, gene, allele, haplotype, cultivar, hybrid, *Petota* section species, evolution, introgression

Acknowledgments: the work was carried out as part of the implementation of the Development Program of the National Center for Plant Genetic Resources under Agreement No. 075-02-20251584 with the Ministry of Science and Higher Education of the Russian Federation dated February 26, 2025.

For citation: Rogozina E.V. The genome of *Solanum tuberosum* L.: from a doubled monoploid to the potato pangenome. *VIR Bulletin*. 2025;(246):19-37. (In Russ.).

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 employer.

© Rogozina E.V., 2025

В современном мире геномика растений приобретает все большее значение в обеспечении продовольственной безопасности населения земного шара. Знание генетической основы развития растений способствует эффективному использованию существующего разнообразия и открывает перспективы создания сортов с улучшенными признаками или новых форм, не имеющих аналогов в природе.

Первый геном растения, *Arabidopsis thaliana* (L.) Heynh., был опубликован в декабре 2000 года (Arabidopsis Genome Initiative, 2000). Это модельное растение широко используется во всем мире, и секвенирование его генома ознаменовало начало эры геномики растений. В последующие 25 лет секвенирование геномов значительно продвинулось вперед, и в 2024 году в базе данных NCBI (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank>) было опубликовано 4604 ядерных генома растений, что соответствует 1482 видам, большинство из которых (90%) относятся к покрытосеменным (Bernal-Gallardo, de Folter, 2024). Получены геномные сборки 100 наиболее значимых для человечества сельскохозяйственных культур. Многие виды имеют более одной сборки геномов, к ним относятся сельскохозяйственные и экономически значимые представители Brassicales, Cucurbitales, Fagales, Malvales, Rosales и Solanales (Abbas et al., 2024). Секвенированные геномы растений размещены и в других базах данных, таких как Phytozome (<https://phytozome-next.jgi.doe.gov/>) и PLAZA (<https://bioinformatics.psb.ugent.be/plaza>), или на порталах, специализирующихся на определенных культурах или семействах (сахарный тростник, тыквенные, пасленовые).

Картофель (*Solanum tuberosum* L.) является жизненно важной культурой для обеспечения продовольственной безопасности и занимает третье место в мире по значимости среди продовольственных культур после риса и пшеницы. Картофель относится к роду *Solanum* L. (Паслен) – одному из крупнейших родов семейства Solanaceae L. (Пасленовые), в составе которого ценные для человечества виды овощных и плодовых, декоративных и лекарственных растений (Knapp et al., 2004). Томат (*Solanum lycopersicum* L.) – наиболее близкий родич картофеля, играющий заметную роль в качестве модельного растения в классических генетических исследованиях, тогда как картофель является трудным объектом для генетического изучения (Gebhardt, 2016). Сорта картофеля, возделываемые в мировом агропроизводстве за пределами центра происхождения культуры на территории Южной Америки, являются высокогетерозиготными автотетраплоидами, селекция которых представляет длительный и трудоемкий процесс. В селекционных программах США и Европейских стран за последние 100 лет не удалось существенно увеличить урожайность картофеля (Agha et al., 2023). Полиплоидная природа сортового картофеля в значительной степени осложняла работы по секвенированию его генома.

С начала эры геномики растений непрерывно шел процесс совершенствования стратегий секвенирования и сборки геномов, улучшения и разработки новых

технологий, развития методов вычислительного анализа, инструментария по сборке геномов, снижения затрат (Michael, VanBuren, 2020; Henry, 2022). Особенно актуальны эти усовершенствования для расшифровки полиплоидных геномов и геномов с высоким уровнем гетерозиготности (картофель как раз относится и к тем и к другим).

Понимание ограниченности одного референсного генома, который не может представить полный набор геномных вариаций, встречающихся внутри вида, привело к формированию концепции пангенома. Пангеномы представляют геномную изменчивость, естественным образом встречающуюся внутри популяции или вида, могут быть ориентированы на гены или же на вариации геномной последовательности, включая однонуклеотидные варианты, вставки, делеции и структурные варианты для данной популяции (Matthews et al., 2024). В 2007 году концепция пангенома, состоящего из ядерного генома и дополнительного генома, впервые применена к растениям путем описания аллельных вариаций и наличия транспозонов в геномах инбредных линий кукурузы (Morgante et al., 2007). Применение пангеномов в изучении разнообразия и изменчивости растений постепенно приводит к их превращению в новые эталонные геномы (Bayer et al., 2020). Благодаря быстрому накоплению данных геномного секвенирования и расширению масштабов исследований растений, это направление постепенно эволюционировало от исследований отдельных видов к исследованиям нескольких видов, что привело к появлению концепции суперпангенома, охватывающего все геномные последовательности в пределах таксономической группы на уровне рода (Hou, Pang, 2024).

С момента получения первой последовательности генома *S. tuberosum* в 2011 году (Potato Genome Sequencing Consortium et al., 2011) достигнут заметный прогресс в секвенировании, сборке и анализе геномов картофеля и родственных видов, построены пангеномы сортового картофеля, южноамериканских культивируемых и дикорастущих видов. Цель обзорной статьи – обобщение публикаций по расшифровке геномов культурных видов, сортов и селекционных клонов картофеля, выявлению отличительных особенностей генома, эволюции и функциональной геномики этой важной сельскохозяйственной культуры.

Создание и совершенствование референсного генома картофеля

В истории исследований по расшифровке генома картофеля можно выделить несколько ключевых моментов, связанных с созданием и совершенствованием референсного генома, секвенированием и сборкой геномов культурных и диких видов, в том числе полиплоидных видов картофеля, сборкой гаплотип-разрешенного генома сортов и построением пангенома картофеля (рис. 1).

В 2011 году была опубликована первая (черновая) сборка генома картофеля, созданная для удвоенного моноплоидного клона DM1-3 516 R44(DM), использование

которого позволило преодолеть трудность работы по расшифровке генома высокогетерозиготного тетраплоидного картофеля (Potato Genome Sequencing Consortium et al., 2011). Гомозиготный двойной гаплоид DM1-3 516 R44(DM) был получен в культуре пыльников диплоидного культурного вида *S. phureja* Juz. et Buk. путем удвоения хромосом (Paz, Veilleux, 1999). Последовательности бактериальной искусственной хромосомы (BAC) диплоидного гибридно-

го клона RH89-039-16 ($2n = 2x = 24$), в родословной которого представлены дигаплоиды коммерческих сортов, таких как 'Katahdin', 'Chippewa' и 'Primura', послужили для установления последовательностей контигов сборки. Первая версия референсного генома культурного картофеля имела размер 705,8 Мб (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/datasets/genome/?taxon=4113>).



Фазированный геном (phased genome) представляет ДНК-последовательность, распределенную на два гаплотипа / A phased genome presents the DNA sequence which is distributed into two haplotypes

Рис. 1. Основные этапы познания генома картофеля

Fig. 1 Key stages in understanding the potato genome

В то время секвенирование Illumina, как более точное и производительное, приходило на смену ранее доступным технологиям. Последовательность референсного генома картофеля была расшифрована на основе комбинации прочтений размером 36 нуклеотид (нт) с платформы Illumina Genome Analyzer, упорядочивание которых было произведено за счет более длинных концевых прочтений последовательностей из фосмидных и бактериальных искусственных хромосомных клонов, созданных с использованием технологии секвенирования по Сэнгеру. В результате получена высокофрагментированная сборка генома картофеля, представляющая 12 «псевдомолекул», но только 623 Мб (86%) генома и 90% из 39 031 предполагаемых генов были привязаны к местоположению на хромосомах. Отмечена отличительная особенность генома картофеля – разнообразие между гаплотипами и внутри них – и сделан вывод о двух случаях полногеномного дуплицирования (185 млн лет назад и 67 млн лет назад) в эволюции картофеля (Potato Genome Sequencing Consortium et al., 2011).

Первый вариант референсной последовательности генома картофеля постепенно совершенствовался. S. K. Sharma с соавторами (Sharma et al., 2013), применив комбинированный подход, улучшили порядок, ориентацию и привязку к местоположению на 12 хромосомах в сравнении с первоначальной сборкой генома картофеля (рис. 1). Создание расщепляющейся дуплицирующей картирующей популяции, в которой клон DM1-3 516 R44 выступал в качестве родителя, и плотной генетической карты на основе STS-маркеров, а также использование карты сверхвысокой плотности (UHD)

диплоидного генотипа картофеля RH89-039-16 (RH) (Van Os et al., 2006) и генетической эталонной карты томата EXPEN 2000 (Fulton et al., 2002) позволили получить улучшенную версию референсного генома DM v4.03. В новой версии геном размером 727 Мб был упорядочен в 12 «псевдомолекул», которые представляли 674 Мб (~93%) сборки генома и 37 482 (~96%) из 39 031 предсказанного гена; в этой версии были значительно улучшены порядок и ориентация суперскафolds внутри псевдомолекул и включены многие суперскафolds, ранее не закрепленные (Sharma et al., 2013). Позже геном картофеля был ресеквенирован и использован для изучения генетической изменчивости 12 клонов – моноплоидов и удвоенных моноплоидов, полученных в культуре пыльников диплоидных образцов *S. tuberosum* группы Phureja (Hardigan et al., 2016). Геномная ДНК, выделенная из тканей листьев и стеблей клона DM, была секвенирована по технологии Illumina HiSeq, и добавление новых 110,765 контигов (55,7 Мб), отсутствующих в версии DM v4.03, улучшило референсный геном до версии DM v4.04 (Hardigan et al., 2016).

Крупным достижением в геномике картофеля стало создание новой версии DM v6.1 на основе длинных считываний, полученных на платформе Oxford Nanopore Technologies в сочетании с технологией лигирования (Hi-C), которые были повторно аннотированы с использованием обширных данных транскриптов, включая полноразмерные кДНК (Pham et al., 2020) (см. рис. 1). Геном DM v6.1 представляет собой 741,6 Мб последовательности (87,8%) из предполагаемых 844 Мб генома, из которых 741,5 Мб не имеют пробелов, а 731,2 Мб закрепле-

ны на 12 хромосомах. Обновленный геном картофеля аннотировали с помощью набора данных 438 библиотек РНК-секвенирования, представляющих 18 функциональных состояний и ткани разных органов растений: ягоды, цветы, листья (под влиянием абиотического и биотического стресса, длинного и короткого дня), корни, стебли, клубни (развитие и влияние короткого дня, повреждения), а также чувствительность сеянцев картофеля к засолению. Комплексный подход значительно улучшил качество последовательности референсного генома картофеля и аннотирования генов. В сборке DM v6.1, по сравнению с DM v4.04, улучшена смежность за счет 595-кратного увеличения размера контига N50 – одного из ключевых параметров оценки качества генома, представляющего собой длину самого короткого контига; вместе с остальными, более длинными, они покрывают 50% общей длины генома. В версии генома DM v6.1, по сравнению с DM v4.04, достигнуто 99-процентное сокращение количества контигов и в 44 раза увеличен размер скаффолда N50 – показателя качества сборки генома, представляющего собой длину самого короткого скаффолда (набора упорядоченных контигов), при котором не менее 50% всей длины собранного генома содержится в скаффолдах такого размера или больше. В версии референсного генома картофеля DM v6.1 аннотированы 32 917 белок-кодирующих генов (Pham et al., 2020).

Однако в DM v6.1 оставался 161 пробел, а структуры центромеры и теломер были неполными. Учитывая важность генома DM в геномике, генетике и селекционных исследованиях картофеля, X. Yang с соавторами (Yang et al., 2023) создали сборку T2T (telomere-to-telomere, геном без разрывов между теломерами), то есть полную сборку генома – версию DM8.1 (см. рис. 1). Полная сборка генома DM8.1 способствовала идентификации крупных тандемных кластеров генов функциональной важности. Всего в новых дополненных последовательностях был идентифицирован 181 ген, что соответствует 161 области пробелов в DM v6.1. Установлено, что 1117 генов в сборке DM8.1 были неправильно аннотированы в DM v6.1. Всего в версии референсного генома DM8.1 предсказано 40 155 белок-кодирующих генов, среди которых 33 972 (84,60%) функционально аннотированы, а у 24 362 генов обнаружена экспрессия; предсказано в общей сложности 956 349 мобильных элементов (transposable elements – TEs), что составляет 60,31% (465,81 Мб) генома; предсказано 4676 малых РНК.

Референсный геном *S. tuberosum* был создан на основе последовательности ДНК удвоенного моноплоидного клона, который относится к диплоидному культурному виду *S. phureja*. Этот картофель выращивает местное население в странах Южной Америки, и представители группы Phureja существенно отличаются по фенотипу и генетической природе от тетраплоидных коммерческих сортов, которые относятся к *S. tuberosum* subsp. *tuberosum*. Один референсный геном не может охватить все многообразие картофеля, но последовательность генома клона DM1-3 516 R44 стала ценным ресурсом для работ по изучению геномов других культурных

видов и диких родичей картофеля (Aversano et al., 2015; Hardigan et al., 2017; Leisner et al., 2018; Kyriakidou et al., 2020a, b; Van Lieshout et al., 2020).

Секвенирование и сборка геномов культурных видов картофеля

В селекции картофеля дикие и культурные южноамериканские виды служат источником ценных признаков, отсутствующих у сортов *S. tuberosum*: устойчивости к биотическим и абиотическим стрессам, ценных технологических качеств клубней. Интрогрессия генетического материала диких родичей в культурный картофель началась в 1908 году в Германии и в 1909 году в Великобритании при создании межвидовых гибридов с мексиканским полиплоидным диким картофелем *S. demissum* Lindl. – источником генов устойчивости к фитофторозу (Bradshaw, 2021). В родословных коммерческих сортов или селекционных клонов, созданных на протяжении прошлого века в России, Европе и Северной Америке, представлено более 20 диких видов картофеля (Rogozina, Khavkin, 2017). Референсный геном DM8.1 является высококачественной сборкой генома картофеля в масштабе хромосом. Но для прикладной геномики и селекции крайне необходимы знания о геномах представителей разных групп генофонда, в особенности диких и культурных родичей, использованных для выведения современных сортов картофеля.

Высокая степень структурной изменчивости обнаружена при секвенировании ДНК-последовательностей у растений, представляющих набор 12 моноплоидных и удвоенных моноплоидных клонов, полученных в культуре пыльников образцов из популяций диплоидного картофеля *S. tuberosum* группы Phureja. Гетерогенность геномов родственных клонов картофеля проявлялась в массовом распространении вариаций числа копий (CNV – copy number variation), охватывающих 219,8 Мб (30,2%) генома; средний размер сегментов ДНК, затронутых CNV, составлял 3,0 кб, и почти 30% генов подверглись как минимум частичной дупликации или делеции (Hardigan et al., 2016).

Последовательности ДНК сортов картофеля культурных и диких видов (всего 67 генотипов) были секвенированы на платформе Illumina HiSeq, прочтения сопоставлены с версией генома DM v4.04, что позволило оценить генетическую вариабельность культурного и дикого картофеля и выяснить роль диких видов в эволюции адаптированного к длинному дню *S. tuberosum* (Hardigan et al., 2017). Экспансию CNV в геноме культурного картофеля подтвердили М. Kyriakidou с соавторами (Kyriakidou et al., 2020a), которые секвенировали ДНК 12 образцов культурных южноамериканских и одного дикого вида картофеля и исследовали структурные геномные вариации у видов разной ploidy в сравнении с последовательностями референсного генома DM v4.04 и генома инбредного клона М6 диплоидного дикого вида *S. chacoense* Bitter (Leisner et al., 2018). В большинстве геномов, хотя число делеций превышало число дупликаций, число дуплицированных генов превышало число генов с делециями,

и в межгенных участках исследованных геномов картофеля наблюдалась высокая плотность событий вариаций числа копий. Геномы полиплоидных видов при сравнении с референсным геномом DM отличались большей изменчивостью, чем диплоидные виды. Частота вариантов составила один на 37 пн у *S. curtilobum* Juz. et Buk., один на 48 пн у *S. × juzepczukii* Juz. et Buk. и один на 58 пн у *S. tuberosum*, против одного варианта на 87–152 пн у диплоидных видов. Кластеры генов, связанных с устойчивостью к болезням, реакцией на раздражители и толерантностью к стрессу (жара, мороз), имели повышенное число копий во всех секвенированных геномах по сравнению с эталонными DM v4.04 и M6 (Kyriakidou et al., 2020a).

Первые сборки геномов у полиплоидных видов картофеля были получены для пяти культурных видов: *S. × chaucha* Juz. et Buk., *S. × juzepczukii* Juz. et Buk., *S. tuberosum* subsp. *andigena* Juz. et Buk., *S. tuberosum* subsp. *tuberosum* и *S. curtilobum* Juz. et Buk. из коллекции Международного центра картофеля в Перу (Kyriakidou et al., 2020b). Первые (черновые) сборки геномов триплоидного, тетраплоидного и пентаплоидного картофеля оказались крайне фрагментированы (длина контига N50 составила 1193-7359 пн) вследствие высокой гетерозиготности и наличия множества повторов. Наиболее сложной оказалась сборка генома тетраплоидного вида *S. tuberosum*, а не пентаплоидного *S. curtilobum*, и, в сравнении с референсным геномом DM v4.04, геном *S. tuberosum* отличался наибольшей гетерозиготностью. Повторяющиеся последовательности ДНК составляли значительную (60,2%) часть генома тетраплоидного *S. tuberosum* subsp. *andigena*, что согласовывалось с данными о размещении повторяющихся последовательностей на большей части (60,7% и 62,2%) геномов клона M6 *S. chacoense* и *S. tuberosum* DM соответственно (Kyriakidou et al., 2020b).

Значительным вкладом в геномику картофеля стали секвенирование, сборка и фазирование (распределение по гаплотипам и гомологичным хромосомам) генома гетерозиготного диплоидного клона RH89-039-16 (Zhou et al., 2020) (см. рис. 1). Гаплоидный, или моноплоидный, референсный геном упрощает проведение анализа, но не позволяет отразить истинный состав генома отдельного организма. Точная сборка и фазирование гаплотипов необходимы для аллель-специфического анализа сложных признаков, клонирования гетерозиготных локусов, имеющих биологическое или агрономическое значение, сравнительной геномики и маркер-опосредованной селекции (Michael, VanBuren, 2020). Гибридный клон RH89-039-16, сокращенно именуемый RH, имеет в родословной дигаплоиды сортов картофеля 'Katahdin', 'Chippewa' и 'Primura'. Геном клона RH был частично собран Консорциумом по секвенированию генома картофеля (PGSC) в 2011 году. Сборка генома *de-novo* и определение двух гаплотипов гибрида RH были выполнены с помощью комбинации нескольких стратегий секвенирования, а распределение полученных прочтений по 24 специфичным для гаплотипов группам – посредством

генетического картирования на основе секвенированной популяции F2. Геном RH v.3 размером 1,67 Гб, полученный после объединения двух геномных сборок (результат двух технологий секвенирования), отличался высоким качеством: длина контига N50 равна 1,74 Мб, аннотировано 76 394 белок-кодирующих генов (Zhou et al., 2020).

Сравнительный анализ распределенных по хромосомам сборок геномов четырех диплоидных клонов: гибрида RH, дикого вида M6 *S. chacoense*, *S. tuberosum* DM дигаплоида сорта 'Agdia' (Freire et al., 2021), выполненный V. S. Bonthala с соавторами (Bonthala, Stich, 2022), выявил обилие рассеянных по каждому геному tandemно дублированных генов (TDG – tandemly duplicated genes). В кластерах TDG найдено 16,06–18,67% (в зависимости от генома) общего числа аннотированных генов, всего в четырех геномах идентифицированы 7450 кластеров TDG, большинство кластеров состояли из двух генов. Аннотировано 4,32–15,8% генов, связанных с мобильными элементами. Число tandemно дублированных генов у образцов диплоидного картофеля оказалось больше, чем у риса, кукурузы и груши, что, по мнению исследователей, связано с особенностями видоспецифической дубликации генов у картофеля (Bonthala, Stich, 2022). В кластерах TDG представлены гены, связанные с устойчивостью к болезням, реакцией на абиотические стрессоры и путями биосинтеза важных вторичных метаболитов картофеля. Обнаружены вариации внутри TDG среди культивируемых, некультивируемых и диких генотипов картофеля и специфичная для каждой эволюционной линии картофеля субфункционализация большей части TDG, что обеспечивает адаптацию к окружающей среде и вносит значимый вклад в генетическое разнообразие картофеля и его родичей (Bonthala, Stich, 2022).

Различия в последовательностях референсного генома DM и коммерческих сортов картофеля стимулировали создание нового референсного генома на основе высокогомозиготной, самосовместимой диплоидной линии Solyntus (Van Lieshout et al., 2020). Первая сборка *S. tuberosum*, не относящаяся к Phureja, (Solyntus_v1.1), имела размер около 716,2 Мб, длина контига N50 составляла 13,367 Мб, сборка каркаса на 12 хромосомах была выполнена с использованием данных генома версии DM v4.03.

Сборка гаплотип-распределенных геномов тетраплоидных сортов и селекционных клонов картофеля

Полиплоидные растения имеют более одной копии каждой хромосомы, тогда как гомозиготный референсный геном представляет собой сложную мозаику сегментов из двух гомологичных хромосом или гаплотипов (Michael, VanBuren, 2020). Высококачественная сборка геномов автотетраплоидного картофеля долгое время была затруднена из-за их высокого уровня гетерозиготности. Смешанные гетерозиготные и гомозиготные регионы затрудняют разработку алгоритма поиска единственного уникального пути перекрывающихся прочтений, что

приводит к более фрагментированным сборкам и необходимости более высокого покрытия секвенирования. Тетраплоидные геномы имеют больше альтернативных гаплотипических версий одного и того же региона, и наибольшее препятствие в сборке *de-novo* автополиплоидного генома заключалось в различении и разделении похожих гаплотипов.

Спустя десять лет после секвенирования первого генома картофеля геномные сборки были получены для удвоенного моноплоидного клона *S. tuberosum* группы Phureja DM 1-3 R44 (v6.1) (Pham et al., 2020), инбредного диплоидного клона *S. tuberosum* группы Tuberosum Solyntus_v1.1 (Van Lieshout et al., 2020), диплоидных и дигаплоидных линий *S. tuberosum* группы Tuberosum (Zhou et al., 2020; Freire et al., 2021; Zhang et al., 2021) и диких диплоидных видов *S. commersonii* Dunal ex Poir. (Aversano et al., 2015) и *S. chacoense* (Leisner et al., 2018). Доступные последовательности тетраплоидного генома были ограничены результатами секвенирования всего генома методом дробовика (Hardigan et al., 2017; Pham et al., 2017) или сильно фрагментированными сборками полиплоидных культурных видов картофеля (Kyriakidou et al., 2020b), которые не имели распределения данных по каждому отдельному гаплотипу.

Несмотря на большой интерес и необходимость в секвенировании геномов коммерческих сортов картофеля, разрешение четырех гаплотипов в геноме автотетраплоидного картофеля оставалось сложной задачей до 2022 года, который отмечен революционными прорывами в геномике картофеля (Rabanus-Wallace et al., 2022). Благодаря доступу к платформам секвенирования с длинными считываниями, такими как PacBio и Nanopore, дополнительным технологиям секвенирования, таким как лигирование близости и оптическое картирование, улучшенным алгоритмам сборки, значительный прогресс был достигнут в секвенировании геномов тетраплоидных коммерческих сортов картофеля (Bao et al., 2022; Hoopes et al., 2022; Sun et al., 2022; Wang et al., 2022).

В 2022 году несколько независимых групп исследователей опубликовали в общей сложности гаплотип-распределенные сборки геномов девяти сортов картофеля: (см. рис. 1). Для шести сортов картофеля из Северной Америки и Европы разного направления использования: столовых – ‘Colomba’, ‘Spunta’, производства чипсов – ‘Atlantic’, крахмала – ‘Altus’, ‘Avenger’ и заморозки – ‘Castle Russet’ опубликованы фазированные геномы, в том числе для сортов ‘Atlantic’ и ‘Castle Russet’ в масштабе хромосом (Hoopes et al., 2022). Геном сорта ‘Otava’ опубликован с разрешением на уровне хромосом, и для уточнения качества сборки по четырем гаплотипам были секвенированы его родительские формы – сорта ‘Stieglitz’ и ‘Hera’ (Sun et al., 2022). Геном сорта ‘Cooperation-88’ (C88), который занимает значительные площади на юго-западе Китая и возделывается в других странах Юго-Восточной Азии, опубликован в масштабе 48 хромосом, распределенных по гаплотипам (Bao et al., 2022). Геном сорта ‘Qingshu No.9’ (Q9), занимающего наибольшую площадь выращивания в Китае, секвенирован и распределен по

четырем гаплотипам, каждый в масштабе 12 хромосом (Wang et al., 2022).

В 2024–2025 гг. перечень сортов, для которых опубликованы сборки по 12 хромосомам каждого гаплотипа, дополнен сортами ‘Altus’ (Serra Mari et al., 2024), ‘Desiree’ (Godec et al., 2025), ‘Diacol Capiro’ (Reyes-Herrera et al., 2024), ‘Ackersegen’, ‘Belle de Fontenay’, ‘Edzell Blue’, ‘Eigenheimer’, ‘Flava’, ‘Flourball’, ‘Katahdin’, ‘Lumper’, ‘Professor Wohltmann’, ‘Russet Burbank’, ‘White Rose’ (Sun et al., 2025).

Разные стратегии секвенирования и сборки тетраплоидных геномов были использованы для картофеля: данные о секвенированных последовательностях ДНК соотносили с данными о последовательностях РНК (Bao et al., 2022; Hoopes et al., 2022; Sun et al., 2022; Godec et al., 2025); проводили картирование потомства от самоопыления сорта (Bao et al., 2022), от скрещивания сорта, геном которого намереваются расшифровать, с другим сортом (Serra Mari et al., 2024), секвенировали ДНК ядер отдельных клеток пыльцы (Sun et al., 2022). Гаплотип-разрешенные геномы тетраплоидных сортов картофеля отличаются размерами, качеством сборки, не все из них аннотированы (таблица).

Полная информация о собранных геномах Atlantic v3, Cooperation-88 v1, Castle Russet v2 и Otava v1 опубликована на сайте SpudDB (<https://spuddb.uga.edu/index.shtml>), о геномах сортов ‘Desiree’, ‘Diacol Capiro’, ‘Ackersegen’, ‘Belle de Fontenay’, ‘Edzell Blue’, ‘Eigenheimer’, ‘Flava’, ‘Flourball’, ‘Katahdin’, ‘Lumper’, ‘Professor Wohltmann’, ‘Russet Burbank’, ‘White Rose’ – на сайте NCBI (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/datasets/genome/?taxon=4113>). Для сорта ‘Altus’ и потомства от скрещивания Altus × Colomba в базе NCBI представлены только данные прочтений на платформах PacBio HiFi, Oxford Nanopore, Illumina. Информация для сорта ‘Qingshu No.9’ размещена на сайте NGDC (National Genomics Data Center, China National Center for Bioinformation / Beijing Institute of Genomics, Chinese Academy of Sciences) (<https://ngdc.cncb.ac.cn/gwh/submit/27179/step?status=1>).

Сравнение геномов шести коммерческих сортов с версиями DM v6.1 и RH v.3 подтвердило сложность тетраплоидного генома, внутри- и межгеномную вариабельность сортового картофеля (Hoopes et al., 2022). Выравнивание псевдомолекул ‘Atlantic’ и ‘Castle Russet’ с эталонным геномом DM-сборки выявило сильную коллинеарность по всем эухроматическим плечам, за исключением хромосомы 12, в которой все четыре гомолога содержали инверсию относительно генома DM. В фазированных геномах сортов ‘Atlantic’ и ‘Castle Russet’ найдено только 80,1–86,0% теоретически возможного тетраплоидного набора генов из 32 917 генов, аннотированных в сборке DM v6.1 (см. таблицу). В геномах ‘Atlantic’ и ‘Castle Russet’ число однокопийных генов сокращено до 5,3% и 8,9% соответственно по сравнению с эталонными геномами RH (22,1%) и DM (91,3%), увеличена частота неактивных и вредных аллелей, подтверждена ранее установленная (Pham et al., 2017; Zhou et al., 2020) дифференциальная экспрессия генов. Вредные/дисфункциональные мута-

Таблица. Сорта картофеля, гаплотип-разрешенные геномы которых опубликованы
(по: <https://www.europotato.org/varieties/view/Otava-E>; <https://www.plantbreeding.wur.nl/PotatoPedigree>; <https://www.nature.com/nature/articles>; Bao et al., 2022; Hoopes et al., 2022; Sun et al., 2022; Reyes-Herrera et al., 2024; Sun et al., 2025)

Table. Potato cultivars whose haplotype-resolved genomes have been published
(from: <https://www.europotato.org/varieties/view/Otava-E>; <https://www.plantbreeding.wur.nl/PotatoPedigree>; <https://www.nature.com/nature/articles>; Bao et al., 2022; Hoopes et al., 2022; Sun et al., 2022; Reyes-Herrera et al., 2024; Sun et al., 2025)

Сорт / Cultivar	Происхождение / Origin	Родительские формы / Ancestry	Размер генома Гб / Genome size, Gb	Размер контига N50, Мб / The N50 contig length, Mb	% генома, распределенного по хромосомам / Genome proportion distributed on chromosomes, %	Число аннотированных генов / Number of annotated genes
'Atlantic'	США	'Wauseon' × 'Lenape'	2,71	36,91	97,8	114 021
'Castle Russet'	США	'PA 00V6-4' × 'PA 01N22-1'	2,52	26,00	97,5	105 449
'Otava'	Чехия	'Stieglitz' × 'Hera'	3,10	7,10	нд	152 855
'C88'	Китай	'I-1085' × <i>S. andigenum</i>	3,15	18,78	96,0	150 853
'Q9'	Китай	нд	2,67	2,19	99,2	126 070
'N8-4'	Китай	нд	1,65	1,47	94,5	нд
'Altus'	Нидерланды	'KA 87-2306' × 'Kartel'	2,78	7,54	нд	нд
'Diacol Capiro'	Колумбия	<i>S. andigenum</i>	2,36	50,58	88,2	154 114
'Desiree'	Нидерланды	'Urgenta' × 'Depesche'	3,30	10,8	99,6	181 929
'Ackersegen'	Германия	'Hindenburg' × 'Allerfruheste Gelbe'	2,95	5,34	99,1	159 346
'Belle de Fontenay'	Франция	Неизвестно	3,00	4,48	98,7	162 958
'Edzell Blue'	Великобритания	Неизвестно	2,93	5,03	99,4	164 779
'Eigenheimer'	Нидерланды	'Blaue Riesen' × 'Jaune d'Or'	2,92	6,21	98,9	174 552
'Flava'	Германия	'Erdgold' × 'Jaune d'Or'	2,93	5,11	99,3	182 058
'Flourball'	Великобритания	Синоним 'Sutton's Flourball'	2,94	5,16	99,0	150 575
'Katahdin'	США	'USDA 40568' × 'USDA 24642'	2,95	5,43	99,3	164 244
'Lumper'	Ирландия	Неизвестно	2,89	4,10	99,3	173 585
'Professor Wohltmann'	Германия	'Daber' × 'Erste von Fromsdorf'	2,84	3,95	99,4	159 037
'Russet Burbank'	США	Мутант сорта 'Burbank'	3,08	5,17	99,0	175 885
'White Rose'	США	Сеянец сорта 'Jackson'	2,94	5,30	98,5	161 592

ции, как и преимущественно экспрессируемые аллели, чаще встречались в генах из мультиаллельных групп по сравнению с однокопийными генами (Hoopes et al., 2022).

В сборках всех шести сортов – 'Atlantic', 'Castle Russet', 'Colomba', 'Spunta', 'Altus' и 'Avenger' – выявлена интрогрессия генетического материала 20 диких видов картофеля. Наиболее заметен вклад *S. candolleianum* Berth.,

интрогрессия которого в размере 1,5–2,0% присутствует во всех сортах; интрогрессия *S. spagazzinii* Bitter присутствует в пяти сортах (кроме 'Colomba'). Отцовская форма сорта 'Atlantic' – сорт 'Lenape' – создан с участием вида *S. chacoense*, что совпадает с 2% интрогрессии генетического материала этого дикого родича в геноме 'Atlantic'. Отмечено, что области интрогрессии обогащены генами, участвующими в адаптации к абиотическому и био-

тическому стрессу, что согласуется с отбором в генофонде картофеля на приспособление к разнообразным условиям среды (Hoopes et al., 2022).

В геноме сорта 'Otava' размеры всех четырех гаплотипов каждой хромосомы в значительной степени соответствуют друг другу, а также размерам сборок DM и RH, за исключением неизменно более коротких сборок хромосомы 10, что, по мнению исследователей, указывает на наличие крупномасштабных хромосомных перестроек. У сорта 'Otava' обнаружено множество участков, сходных между гаплотипами, около 50% генома не имели структурных различий, структурные перестройки затрагивали около 20% генома. Инверсии, дупликации и транслокации составляли 3,8–42,9% в зависимости от гаплотипа, охватывали 15,0–65,8% каждой хромосомы, при этом каждый гаплотип сорта 'Otava' включал 11,0–42,5% уникальной последовательности, которую нельзя было выровнять ни с одним из других гаплотипов. В геноме 'Otava' повторяющиеся последовательности составляли 66% сборки, при этом LTR (long terminal repeats) – ретротранспозоны с длинными концевыми повторами – являлись наиболее многочисленным классом (Sun et al., 2022).

В отличие от сорта 'Atlantic', у которого только 32,3% генов присутствовали во всех четырех гаплотипах, у сорта 'Otava' из аннотированных 152 855 генов 53,6% присутствовали во всех четырех гаплотипах. Аналогично результатам анализа сортов 'Atlantic' и 'Castle Russet' (Hoopes et al., 2022) и более ранним сведениям о влиянии вариации числа копий (CNV) на экспрессию генов (Pham et al., 2017) гены с большим количеством аллельных копий демонстрировали заметно повышенную экспрессию, по сравнению с генами с меньшим количеством аллельных копий. Наибольший процент вариаций отмечен у генов NLR-семейства (nucleotide-binding leucine-rich repeat – нуклеотид-связывающих лейцин-обогащенных повторов), участвующих в обеспечении устойчивости к вредным организмам.

Сборка генома 'C88' выполнена более качественно, чем генома сорта 'Otava', как по непрерывности – размер контигов N50 составляет 18,78 Мб против 7,1 Мб, так и по полноте – показатель BUSCO (benchmarking universal single-copy orthologs – сравнительный анализ универсальных однокопийных ортологов) составляет 98,4% против 97,3%, что объясняется различиями в методологии сборки полученных считываний (Bao et al., 2022). У сорта 'C88' также обнаружены множественные структурные вариации в геноме (SNP и вставки/делеции), которые были неслучайным образом распределены между гаплотипами. Разнообразие гаплотипов было специфичным для отдельных хромосом: заметна дивергенция между гаплотипами 2, 4, 9 и 11, тогда как гаплотипы хромосом 1, 3, 5, 6, 7, 8, 10 и 12 были сгруппированы в две или три группы.

Подобно сорту 'Atlantic', генетический материал диких видов выявлен в геноме сорта 'C88', участки интрогрессии на отдельных гаплотипах хромосом 1, 2, 4, 5, 7 и 9 занимали более 50% последовательности. Среди аннотированных в геноме 'C88' 150 853 белок-кодирующих

генов 2262 гена относятся к NLR-семействам, которые сгруппированы в 165 кластеров на 40 гаплотипах. На хромосомах 4, 5 и 11 расположено более половины (51,11%) всех собранных в кластеры NLR-генов, 98 кластеров перекрывались с районами интрогрессии генетического материала диких родичей.

В геноме 'C88' предсказана 57 641 вредная мутация, затрагивающая 15 942 аннотированных гена. Из 23 086 тетрааллельных локусов 33,05% содержали от одной до трех вредных мутаций, которые были равномерно распределены среди гомологичных гаплотипов, но отцовские гаплотипы в геноме 'C88' содержали больше гомозиготных по вредным мутациям локусов, чем материнские гаплотипы (Bao et al., 2022).

Геном сорта 'Qingshu No.9' (Q9) размером 2,67 Гб меньше, чем геном сорта 'Otava', размер контига N50 составляет 2,19 Мб. Из аннотированных 126 070 белок-кодирующих генов 125 077 (99,21%) закреплены на хромосомах. Наибольшее число генов имеют по два и три аллеля – 35,24% и 38,65% соответственно, 18,7% генов представлены в каждом гаплотипе и 7,34% генов – одним аллельным вариантом. В геноме сорта 'Q9' повторяющиеся последовательности составляли 63,44% сборки и мобильные элементы представлены главным образом LTR, как и в геноме сорта 'Otava'. Геномы сортов 'Q9' и 'Otava' имеют сходный паттерн распределения SNP, тогда как в геноме сорта 'Atlantic' обнаружены более протяженные участки с однонуклеотидными полиморфизмами. При сравнении геномов Q9, DM, RH и M6 найдены 16 988 семейств генов, общих для всех четырех геномов, при этом 7723 семейства генов были уникальными для Q9 (Wang et al., 2022).

С использованием культуры пыльников получена гаплотип-распределенная сборка другого китайского сорта 'Ningshu15', отличающегося высоким содержанием крахмала и устойчивостью к засухе (Gong et al., 2025). Гетерозиготное дигаплоидное растение N8-4, выращенное из пыльцы тетраплоидного сорта 'Ningshu15', использовано для секвенирования и сборки последовательностей двух гаплотипов. Общий размер генома составил 1,65 Гб, с длиной контигов N50 1,47 и 1,48 Мб для первого и второго гаплотипов соответственно, 94,5% последовательности закреплены на 12 хромосомах (см. таблицу). У дигаплоида N8-4 повторяющиеся последовательности составляют более половины (55–62%) генома, преобладают мобильные элементы (транспозоны, transposable elements, TEs), большая часть из которых – LTR, охватывающие 45,5–51,5% генома в зависимости от гаплотипа. Предсказано наличие 35 280 и 33 868 белок-кодирующих генов на двух гаплотипах N8-4. Сравнительный анализ генома N8-4 и геномов родственных видов: *S. lycopersicum*, *Capsicum annuum* L., *Nicotiana tabacum* L., *S. tuberosum* (DM v6.1), а также сладкого картофеля *Ipomoea batatas* (L.) Lam. подтвердил наличие уникальных для дигаплоида N8-4 генов, связанных с метаболизмом крахмала, сахаров, флавоноидов и биосинтезом каротиноидов. Дополнительно проведенное ресеквенирование геномов для 141 образца картофеля

различного происхождения и GWAS-анализ (genome-wide association study – полногеномное исследование ассоциаций) выявили 53 локуса количественных признаков, связанных с содержанием фруктозы, глюкозы и сахарозы; идентифицирован ген *StTST2*, отвечающий за транспорт сахарозы и тесно связанный с содержанием глюкозы. На хромосомах 1, 2, 4, 6, 7, 11 и 12 располагаются QTL, контролирующие содержание глюкозы и сахарозы; SNP, оказывающие более выраженное неблагоприятное воздействие на содержание сахаров, преимущественно обнаружены в гаплотипе 2 (Gong et al., 2025).

Для сорта ‘Altus’ геномная сборка отдельных хромосом с гаплотип-специфическим разрешением последовательности сконструирована путем объединения данных секвенирования генома ‘Altus’ на платформе PacBio HiFi с короткими последовательностями секвенирования 193 потомков от скрещивания ‘Altus’ × ‘Colomba’ на платформе Illumina (Serra Mari et al., 2024). В геноме сорта ‘Altus’ при сравнении с референсным геномом DM, как и у сорта ‘Otava’, обнаружена более короткая хромосома 10; при сравнении с геномом ‘Solyntus’ обнаружено несколько крупных структурных различий, что, по мнению исследователей, предполагает наличие либо крупной перестройки, которая отличает геномы ‘Altus’ и ‘Solyntus’, либо структурной ошибки в эталонном геноме ‘Solyntus’. У сорта ‘Altus’ повторяющиеся последовательности составляли 66,81% генома, наибольшая часть представлена LTR, что согласуется с данными для сорта ‘Otava’ (Serra Mari et al., 2024).

Сорт ‘Diacol Capiro’ представляет картофель, культивируемый в высокогорьях Анд, занимает доминирующее положение в колумбийском растениеводстве, в основном для пищевой промышленности (Reyes-Herrera et al., 2024). Этот высокогетерозиготный, автотетраплоидный сорт принадлежит к группе Andigenum и выделяется своей адаптацией к широкому спектру условий окружающей среды на высотах от 1800 до 3200 метров над уровнем моря. Сборка генома сорта ‘Diacol Capiro’ отличается высоким качеством по непрерывности и полноте: размер контига N50 составляет 50,5 Мб, оценка BUSCO равна 99,38%. В отличие от европейских и североамериканских сортов, доля повторяющихся участков в геноме ‘Diacol Capiro’ меньше, составляет 49,92%, но преобладающими классами также являются ретротранспозоны (37%) и ДНК-транспозоны (5%).

По количеству аннотированных генов и генов NLR-семейства сорт ‘Diacol Capiro’ схож с сортом ‘C88’: полная аннотация содержит 154 114 генов, из которых 2107 генов принадлежат NLR-семейству. Между сортами выявлено сходство и по составу генов: 89,13% предсказанных генов ‘Diacol Capiro’ совпали с аннотированными генами ‘C88’, при этом процент идентичных позиций превысил 70%. По родословной сорта ‘C88’ отцовское растение относится к группе Andigena (*S. tuberosum*), к которой принадлежит и сорт ‘Diacol Capiro’, что может объяснить общность сортов по большинству генов (Reyes-Herrera et al., 2024).

У сорта ‘Desiree’ повторяющиеся последовательности составляли более 70% генома, из 181 929 аннотирован-

ных генов более половины (53,6%) генов, как и в гаплотип-разрешенной сборке сорта ‘Otava’, присутствовали во всех четырех гаплотипах; выявлено 17,24% уникальных генов (Godec et al., 2025).

Сборка геномов 10 сортов картофеля, созданных в Европе и Северной Америке в конце XIX – первой трети XX века, позволила охарактеризовать генетическое разнообразие, существовавшее на заре европейской селекции картофеля (Sun et al., 2025). Секвенированы геномы размером 2,84–3,08 Гб, но показатель непрерывности секвенирования меньше, чем у других сортов: размер контигов N50 составляет 3,95–6,21 Мб (см. таблицу). Доля транспозонов составляет от 54,1% до 59,0% в зависимости от сорта, что согласуется с результатами предыдущих исследований (Bao et al., 2022; Sun et al., 2022). Выявлено высокое разнообразие между гаплотипами. В среднем для каждой пары гаплотипов 18% областей не совпадали, из 82% выровненных областей приблизительно 32% последовательности были перестроены, так что в среднем только 56% генома находились в синтении между любыми двумя гаплотипами. В пределах выровненных участков обнаружен один вариантный сайт на 16 пн по всем 40 гаплотипам, что означает самое высокое разнообразие последовательностей, зарегистрированное сегодня для возделываемых растений (Sun et al., 2025). Однако в совокупности у 10 сортов картофеля разнообразие гаплотипов оказалось поразительно ограниченным: в среднем найдено всего девять из 40 потенциально различных гаплотипов на блок гаплотипов, и в некоторых областях геномов обнаружены сходные участки протяженностью несколько десятков Мб. У европейских сортов обнаружены многочисленные и протяженные участки интрогрессий южноамериканских диких видов картофеля (*S. brevicaulis* Bitter, *S. boliviense* Dunal, *S. commersonii* и *S. vernei* Bitter et Wittmack), которые охватывали в среднем около 40% генома и совпадали с областями с высоким разнообразием последовательностей (Sun et al., 2025). Исследователи предположили, что высокое разнообразие последовательностей между гаплотипами связано с интрогрессией диких видов в процессе одомашнивания картофеля, тогда как ограниченное разнообразие гаплотипов у исследованной группы сортов соответствует многочисленным «узким местам» в истории европейского картофеля (Sun et al., 2025).

Из 10 сортов картофеля, сборки геномов которых выполнили Sun H. с соавторами, семь являются прародителями многих современных европейских сортов. Сорт ‘Eigenheimer’, выведенный в 1895 году, входит в родословные 49 сортов, сорт ‘Flava’, выведенный в 1931 году – в родословные 63 сортов. Наиболее часто использован в селекции выведенный в 1932 году сорт ‘Katahdin’, с участием которого получено 227 сортов (Sun et al., 2025). Опираясь на результаты секвенирования и низкое количество различных гаплотипов в исследованной выборке, Sun H. с соавторами делают вывод о том, что 40 гаплотипов (около 1,5 Гб по размеру) представляют около 85% общей изменчивости генофонда европейского картофеля и что потребуется секвенировать 24 дополнитель-

ных генома, чтобы охватить 95% всей изменчивости, тем самым почти завершив построение пангенома европейского картофеля (Sun et al., 2025).

Пангеном сортов и близкородственных видов картофеля

Термин «пангеном» впервые был использован F. Sigaux в 2000 году для описания геномных различий на нуклеотидном уровне, наблюдаемых в опухолях, нормальных клетках и экспериментальных моделях (Sigaux, 2000). В 2005 году H. Tettelin с соавторами использовали тот же термин для описания наличия и отсутствия генов в восьми геномах *Streptococcus agalactiae* Lehmann and Neumann (Tettelin et al., 2005). Сегодня различают три основных типа пангеномов: пангеном, основанный на вариациях присутствия/отсутствия (PAV, presence-absence variation) генов, то есть представляющий совокупность всех генов в популяции, которые составляют «ядерный геном» и «дополнительный геном»; пангеном репрезентативной последовательности, который состоит из тщательно отобранных геномных последовательностей таким образом, чтобы как можно больше геномных вариаций популяции было представлено с использованием

как можно меньшего количества последовательностей, и графический пангеном, который моделирует вариации геномных последовательностей, а также их расположение относительно других геномных последовательностей из популяции или моделирует гены, обнаруженные в популяции, и их порядок относительно других членов популяции (Matthews et al., 2024).

В исследовании M. Hardigan с соавторами (Hardigan et al., 2016) впервые был определен основной набор генов картофеля (core gene – ядерный геном), состоящий из 30 401 гена (77,4%), и выявлены необязательные 7183 гена (dispensable genes – дополнительный геном). Первый пангеном для тетраплоидного картофеля сконструирован G. Hoopes с соавторами (Hoopes et al., 2022) на основе геномных сборок шести сортов картофеля из Северной Америки и Европы (см. рис. 1). Из 713 568 генов, аннотированных в шести геномах, 562 550 (78,8%) отнесены к основным, то есть присутствовали во всех гаплотипах шести сортов, 142 225 (19,9%) идентифицированы как гены «оболочки» (shell genes), так как отсутствовали по крайней мере в одном гаплотипе, и 8793 (1,2%) гена отнесены к периферическим генам (cloud genes – гены «облака»), поскольку присутствовали только в одном гаплотипе (рис. 2).

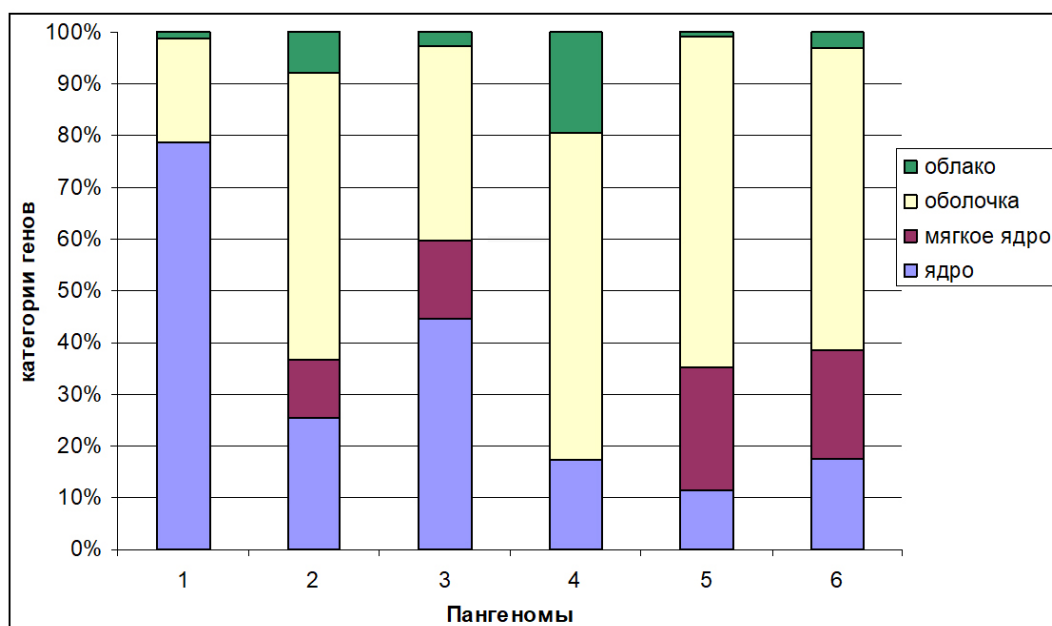


Рис. 2. Состав пангенома картофеля по данным: 1 – Hoopes et al., 2022; 2 – Tang et al., 2022; 3 – Karetnikov et al., 2023; 4 – Bozan et al. 2023; 5 – Sun et al., 2025; 6 – Zhu et al., 2025

Fig. 2. Potato pangenome composition according to: 1 – Hoopes et al., 2022; 2 – Tang et al., 2022; 3 – Karetnikov et al., 2023; 4 – Bozan et al., 2023; 5 – Sun et al., 2025; 6 – Zhu et al., 2025

Гены в пангеноме имели в среднем 0,664 копии/геном или 2,65 копии/тетраплоид, что означало обнаружение лишь некоторой части возможных вариантов (феномен the prevalence of missing alleles – распространенность отсутствующих аллелей). Основные гены имели более высокое среднее значение 0,756 копий/

геном, в сравнении с более низкими средними значениями генов оболочки и облака: 0,548 и 0,042 копий/геном соответственно. Основные гены были расположены в регионах с высокой плотностью генов, тогда как гены двух других категорий локализованы как внутри, так и за пределами регионов с высокой плотностью генов

(Hoopes et al., 2022). Исследование влияния дисфункциональных/вредных мутаций на основной протеом сорта 'Атлантик' показало, что 17 583 гена (28,6%), присутствующих в 7052 кластерах (42,5%), предположительно, имели дисфункциональный/вредный вариант, однако, лишь 272 (0,4%) гена были однокопийными, что указывало на редкую частоту мутаций аллелей основных генов. Основные гены обеспечивали биосинтез ключевых структур растительных клеток, основные гены и гены оболочки были связаны с биогенезом клеточной стенки, метаболическим процессом ксиллоглюкана и гидротропизмом; гены оболочки и облака были связаны с биологическими процессами в митохондриях и хлоропластах. К генам оболочки были отнесены ауксин-индуцированные гены и гены, отвечающие за защитные реакции.

Построение пангенома культурного картофеля представляет сложную задачу из-за чрезвычайного разнообразия этой культуры, включающей ландрасы – местные сорта, которые возделывают на территории стран Южной Америки, и многочисленные сорта картофеля в странах Северной Америки, Европы, Азии и Африки. Первый пангеном видов секции *Petota*, к которой относятся дикие и культурные виды картофеля (клубнеобразующие виды рода *Solanum*), создан Tang D. с соавторами (Tang et al., 2022). Пангеном охватывает генный пул (44 образца) диплоидных видов: все пять культурных видов (17 ландрас и три инбредные линии), *S. candolleianum* (четыре образца) и 20 диких северо- и южноамериканских видов секции *Petota*. Семь геномов – по два образца *S. tuberosum* группы *Stenotomum*, *S. tuberosum* группы *Phureja*, *S. tuberosum* группы *Tuberosum* – и один для образца *S. candolleianum* собраны на хромосомном уровне, остальные геномы представлены в виде сборок *de-novo* сырых контигов. На основе данных транскриптома, гомологии и анализа последовательностей ДНК, используя подход *ab initio* (лат. «с начала»), Tang D. с соавторами предсказали от 44 859 (у образца *S. tuberosum* группы *Stenotomum*) до 88 871 (у образца *S. tuberosum* группы *Ajanhuiri*) моделей генов и построили пангеном, сгруппировав 2 701 787 предсказанных моделей генов из 44 образцов и референсного генома DM v6.1 в 51 401 кластер. На основе частоты встречаемости кластеры классифицировали на четыре категории: 25,5% кластеров отнесены к основным (*core*) и присутствовали во всех 45 образцах; 11,2% кластеров мягкого ядра (*softcore*) присутствовали в 42–44 образцах; 55,4% кластеров оболочки (*shell*) обнаружены у 2–41 образца, и 7,9% кластеров были специфичны для образцов (см. рис. 2). К белок-кодирующим генам отнесены 80,7–89,9% генов первых двух категорий и только 43,9% и 44,3% генов оболочки и специфичных генов. Гены ядра и мягкого ядра экспрессировались в среднем в 2,2 раза выше, чем гены оболочки и специфичные гены, и демонстрировали заметно более низкие (в среднем в 1,7 раза) попарные коэффициенты несинонимичных/синонимичных замен (K_a/K_s), чем гены оболочки, что свидетельствовало об их функциональной консервативности. Гены ядра и мягкого ядра были обогащены доменами, свя-

занными с множественными функциями, участвующими в росте и развитии растений, тогда как домены, связанные с ретротранспозонами и устойчивостью к болезням, были значительно обогащены в генах оболочки и специфичных генах. У местных сортов картофеля идентифицировано только 204,4 Мб (28,0% от референсного генома DM) общей последовательности геномных регионов, что означало высокую степень дивергенции южноамериканских ландрас, и выявлено 561 433 высокодостоверных структурных вариантов (размером более 50 пн), из которых 55,5% были редкими (частота минорного аллеля $< 0,05$). Большинство структурных вариантов (в среднем около 58,2%) не затрагивали гены, располагаясь от них на расстоянии в среднем 5000 пн, только 6,4% структурных вариантов затронули экзоны (Tang et al., 2022).

В 2023 году с использованием коротких прочтений на платформе Illumina NovaSeq проведена сборка геномов 14 российских сортов картофеля и голландского 'Симфония' (Karetnikov et al., 2023) (см. рис. 1). Сборки размером от 652,7 Мб (сорт 'Удача') до 1,3 Гб (сорт 'Северное Сияние') состоят из 155 407–269 455 скаффолдов, с размером контига N50 от 4 кб до 12,4 кб в зависимости от сорта. Фрагментация геномных сборок высока, и короткие прочтения не позволили с высокой точностью реконструировать геномы, тем не менее на основе сравнения геномных последовательностей российских сортов и 12 образцов южноамериканских видов (11 образцов андийских и чилийских культурных и образец дикого вида *S. bukasovii* Juz. ex Rybin) сопоставлено генетическое разнообразие и вариация числа копий (CNV) в двух группах картофеля.

Обнаружена более высокая однородность российских сортов с точки зрения структурных перестроек генома (делеций и дупликаций) по сравнению с образцами южноамериканских культурных видов. В геномах российских сортов максимальный размер делеции меньше, в сравнении с таковыми у южноамериканских видов. Гены, связанные с иммунным ответом (содержащие домены NB-ARC, LRR и TIR), с абиотическим стрессовым ответом, участвующие в транспорте различных метаболитов и связанные с клубнеобразованием и контролем фотопериода, различались по частоте CNV у южноамериканских видов и российских сортов картофеля.

В группе российских сортов картофеля идентифицировано 103 748 ортологических групп, которые в зависимости от встречаемости в разных образцах классифицировали на четыре категории: 44,5% относятся к *core*, или ядерным генам, 15,1% – гены *softcore*, или мягкого ядра; 37,6% – гены *shell*, или оболочки, и 2,8% – гены *cloud*, или облака. По соотношению генов в этих категориях российские сорта схожи между собой, но отличаются от пангенома сортов картофеля из Северной Америки и Европы большей долей «необязательных» генов: более 40% генов оболочки и облака против 21% (см. рис. 2). Общая картина распределения функций генов в разных категориях у российских сортов аналогична результатам анализа пангенома картофеля в других работах (Hoopes et al., 2022; Tang et al., 2022). Консервативная часть генома

сорт, выращиваемых в России, обогащена генами, связанными с базовыми функциями, участвующими в росте и развитии растений (такие домены, как цитохром P450, протеинкиназы и тирозинкиназы, мотив распознавания РНК, F-box и повторы PPR), тогда как более варибельная часть пангенома связана с генами иммунного ответа и ответа на стрессовые условия окружающей среды (домены NB-ARC, мотивы LRR, интегразы, домены gag и обратные транскриптазы). В геномах российских сортов выявлены последовательности, кодирующие R-гены, идентифицировано 3404 полноразмерных белка семейства NBS-LRR, из которых 2134 белков не имели сходства с аннотированными белками NBS-LRR из референсного генома DM1-3. Авторы отмечают высокое разнообразие NBS-LRR-генов в 15 российских сортах картофеля (в среднем на геном приходится 227 белков NLR), что, по их мнению, означает наличие у российских сортов разнообразного пула R-генов, значительная доля которых уникальна для определенных геномов (Karetnikov et al., 2023).

Крупный панпloidный пангеном, основанный на вариациях присутствия/отсутствия (PAV) генов, составлен I. Bozan с соавторами для 296 образцов 60 видов, которые представляют диких родичей, ландрасы и сорта картофеля всех уровней пloidности и разного географического происхождения (Bozan et al., 2023). Для построения пангенома использовали в качестве референса гаплотипически разрешенный геном диплоидного картофеля *S. tuberosum* группы Tuberosum RH89-039-16 (Zhou et al., 2020). В результате составлен Potato super pangenome v1.0 (панпloidный пангеном *Solanum* секции *Petota*) с разрешением по 24 гаплотипам, который состоит из 12 хромосом плюс 5 148 884 контигов общим размером ~9,05 Гб. Пангеном достигает плато примерно в 80 геномов и отражает генетическое разнообразие культивируемого картофеля и его диких родичей: включает образцы с вегетативным и генеративным размножением, самонесовместимостью, репродуктивной изоляцией, интрогрессией и межвидовой гибридизацией. Potato super pangenome v1.0 и его функциональная аннотация представлены на платформе Dryad (<https://datadryad.org/dataset/doi:10.5061/dryad.cfxpnvxbn>).

Пангеном содержит 132 355 генов, минимальное число (54 867) найдено у дикого вида *S. polyadenium* Greenm., максимальное (81 246) – у пентапloidного культурного вида *S. curtilobum*. В большинстве (> 97%) образцов обнаружено 23 055 основных генов, у менее 3% образцов присутствуют 25 776 генов облака и у 3–97% образцов – 83 524 гена оболочки (см. рис. 2). Превалирование в панпloidном пангеноме семейств генов оболочки (63,1%) согласуется с данными Tang D. с соавторами (Tang et al., 2022) о составе пангенома диплоидных видов (55,4% генов оболочки). Как и в предыдущих исследованиях, установлено, что основным геном включает гены, участвующие в ключевых молекулярных и клеточных процессах, наибольшее число генов связано с процессами модификации клеточных белков и процессами метаболизма фосфора. Геном оболочки включает гены регуляции биосинтеза РНК, реакций на стресс, на посту-

пление питательных веществ и на патогены, а также гены развития и гены биосинтеза тритерпеноидов (участвующих в синтезе гликоалкалоидов – защитных метаболитов растений *Solanum*). Геном облака включает гены, связанные с регуляцией экспрессии генов, стрессовыми реакциями, фотосинтезом, и мобильные элементы (TEs).

Исходя из вариаций присутствия/отсутствия генов (PAV) построено филогенетическое дерево, группировки в котором в основном согласуются с кладистической группировкой Д. М. Спунера (Spooner et al., 2014) и группировками на основе структурной варибельности геномов культурных и диких видов картофеля (Hardigan et al., 2015), видов и сортов картофеля (Hardigan et al., 2017). В пангеномном филогенетическом дереве на основе полиморфизма PAV генов и наличия транспозонов показано, что диплоидные местные сорта (*S. phureja*, *S. stenotomum* Juz. et Buk. и *S. goniocalyx* Juz. et Buk.) имеют сходство с дикими видами группы *S. candolleianum*, в то время как сорта *S. tuberosum* (включая аборигенные андийские и чилийские сорта картофеля) имеют разную генетическую основу и обладают сходством с северо- и южноамериканскими дикими видами. Обнаружено, что гены, уникальные для каждой клады, выполняют функции, связанные с реакцией на абиотический стресс, особенно на холод, что предполагает участие PAV в адаптации к окружающей среде. Выявлены гены, отвечающие за реакцию на абиотический стресс (среди основных генов в кладах диких видов из Северной и Центральной Америки), и гены, отвечающие за цветение/клубнеобразование (среди основных генов в кладе диких видов из Южной Америки и культурных форм картофеля). Показано, что в местных сортах и культурных видах картофеля число генов увеличено по сравнению с дикими видами, что указывает на тенденцию к приобретению генов в процессе доместикикации картофеля, во время которой происходили изменения в фотосинтезе, метаболизме и защитных реакциях. Также отмечены различия между диким и культурным картофелем в биологических функциях, касающихся развития корней и состояния покоя.

I. Bozan с соавторами, как и другие исследователи (Hoopes et al., 2020; Bonthala, Stich, 2022), подчеркивают важную роль мобильных элементов в видообразовании секции *Petota*, активация которых могла способствовать геномному и таксономическому разнообразию, наблюдаемому у видов *Solanum* секции *Petota*, которые адаптировались к новым условиям окружающей среды, распространяясь на юг из Северной и Центральной Америки, хотя возможны и другие объяснения, такие как генетический дрейф, для этого разнообразия (Bozan et al., 2023). Содержание мобильных элементов (TEs) различалось у представителей разных филогенетических клад. У диких видов из Северной и Центральной Америки с репродуктивной изоляцией от южноамериканских диких и культурных видов обнаружено значительно более низкое содержание TEs. Высокое содержание TEs обнаружено в образцах, сохраняемых в культуре *in vitro*, что, по мнению исследователей, указывает на роль мобильных элементов в адаптации представителей секции *Petota*

к новым условиям окружающей среды, как естественным, так и искусственным (Bozan et al., 2023).

На основе геномных сборок 10 сортов картофеля, созданных в Европе и Северной Америке, Sun H. с соавторами составили гаплотипически разрешенный, почти полный (включает более 85% генетического разнообразия) пангеном автотетраплоидного картофеля (Sun et al., 2025). Анализ 40 гаплоидных геномов выявил многочисленность необязательных (совпадающих с 2–36 гаплоидными геномами) семейств генов – 64,02%. Частные семейства генов (обнаруженные только в пределах одного гаплоидного генома), семейства генов мягкого ядра (совпадающие с 37–39 гаплоидными геномами) и основного ядра (совпадающие со всеми 40 гаплоидными геномами) составляли 0,79%, 23,56% и 11,63% соответственно (см. рис. 2).

Чтобы проиллюстрировать практическое применение пангенома, Sun H. с соавторами преобразовали пангеном в геномный граф (гаплотипный граф), который использовали для генерации фазированных псевдогеномных сборок сорта ‘Russet Burbank’ – элитного коммерческого сорта, используемого для производства картофеля фри. Тем самым продемонстрирована возможность реконструкции гаплотипа псевдогеномной сборки коммерческого сорта картофеля с использованием только экономически эффективных коротких прочтений.

На основе сборки *de-novo* 60 гаплотипов диплоидного картофеля (культурных и диких видов) Cheng L. с соавторами (Cheng et al., 2025) сконструировали фазированный пангеномный граф картофеля PPG-v.1.0. По сравнению с линейным эталоном, графовый пангеном представляет собой более широкое разнообразие (3076 Мб против 742 Мб), в котором вклад диких видов (2286 Мб) больше, чем вклад культурных видов (1807 Мб). Геном PPG-v.1.0 состоит из 365 Мб консервативных последовательностей (присутствующих по меньшей мере в 90% гаплотипов) и 2711 Мб варибельных последовательностей. Установлены отличия геномов диплоидных видов секции *Petota* от референсного генома DM v6.1, построена карта вариативности гаплотипов. Обнаружено множество структурных вариантов малого (менее 50 пн) размера – более 46 млн SNP и более 3,5 млн инделов, а также крупные (размером 50 пн и больше) структурные перестройки – более 133 тыс. Среди крупных SV (структурных вариантов) преобладают мультиаллельные: 87% имели три и более различных аллеля. У всех гаплотипов среди геномных последовательностей, отсутствующих в линейном референсном геноме, в среднем 52,6% относятся к мобильным элементам (TEs), 22,7% – сателлитные повторы и 23,8% классифицированы как неповторяющиеся последовательности. Подтверждена ранее отмеченная M. Hardigan с соавторами (Hardigan et al., 2015) повышенная гетерозиготность культивируемых диплоидов по сравнению с дикими видами: дивергенция гаплотипов у культурного картофеля, оцененная на основе размеров гаплотип-специфических (гетерозиготных) вариантов для каждого образца, в 1,46 раза больше, чем наблюдаемая у дикого картофеля (приблизительно 105,2 Мб про-

тив 72,1 Мб). Обнаружены две гаплотип-специфические инверсии, распространенные у культурного картофеля, расположенные на 3-й и 10-й хромосомах. Обилие мобильных элементов и более выраженная генетическая дивергенция гаплотипов у культурного картофеля, чем у диких видов, указывает на множественные события гибридизации в эволюции культурных видов в процессе доместики картофеля (Cheng et al., 2025).

В исследовании Zhu X. с соавторами (Zhu et al., 2025) для оценки генетического разнообразия в секции *Petota* были собраны *de-novo* 29 геномов для 28 клубнеобразующих видов, представляющих все четыре филогенетические группы (клады) по системе Д. М. Спунера (Spooner et al., 2014), и одного вида секции *Etuberosum* (Bukasov et al., 2014), объединяющей виды, близкородственные картофелю и томату. Размеры сборок варьировались от 596 Мб (*S. polyadenium*) до 859,3 Мб (*S. chomatophilum* Bitter), размеры контигов N50 – от 0,8 Мб до 4 Мб, и в среднем 97,34% контигов были закреплены с помощью Hi-C на хромосомах. Для составления пангенома видов секции *Petota* дополнительно были использованы известные последовательности 22 геномов видов картофеля (Tang et al., 2022; Yang et al., 2023), а также повторно секвенированы 248 образцов дикого картофеля, местных и современных сортов. В пангеноме, основанном на последовательностях 50 геномов, 17,65% семейств генов составляют основные гены, 20,5% – гены мягкого ядра (присутствующие в 45–49 образцах), 58,65% относятся к необязательным генам (присутствующим в 2–44 образцах) и 2,96% частных генов (см. рис. 2). Подтверждена ранее отмеченная Tang D. с соавторами (Tang et al., 2022) консервативность основных генов (более низкие значения Ka/Ks, чем в наборе необязательных генов).

Поиск структурных вариантов (SV) у видов секции *Petota* Zhu X. с соавторами провели с использованием сборки DM8.1 без пробелов (Yang et al., 2023) в качестве эталонного генома. Количество SV в среднем затрагивало 128,36 (58,59–223,41) Мб геномной последовательности в зависимости от образца. В общей сложности было выявлено 194 330 достоверных (nonredundant) структурных вариантов, включая 149 344 PAV (обозначающих инсерции/делеции > 50 пн), 26 305 дупликаций, 16 918 транслокаций и 1763 инверсии, распределение которых было неравномерным, затрагивая некоторые участки (горячие точки структурных вариантов) на отдельных хромосомах. В 49 образцах обнаружены большие вставки (всего 6980 генов), которые отсутствовали в эталонном образце DM8.1. Например, вставка размером 32 кб, расположенная на хромосоме 10 *S. chacoense*, содержала пять генов, связанных с устойчивостью к болезням. Транскриптомный анализ тканей различных органов (корень, стебель, лист, клубень, стolon и цветок) *S. chacoense* показал наличие экспрессии 77,6% новых генов, уровень которой, однако, был ниже, чем экспрессия генов, «общих» для *S. chacoense* и DM8.1. У 51 образца секций *Petota* и *Etuberosum* в общей сложности идентифицированы 12 949 кластеров R-генов: от 90 у *S. candolleianum* до 447 у *S. tuberosum* RH, в которых представлено 222–1210

NLR-генов (Zhu et al., 2025).

Для масштабного изучения структурных вариантов в генетическом пуле картофеля Zhu X. с соавторами построили графический пангеном размером 1,71 Гб путем интеграции в геном DM8.1 новых 194 330 структурных вариантов (приблизительно 743,5 Мб) и дополнительно секвенировали 248 образцов, включающих 117 диких видов, 40 местных и 91 коммерческий сорт. С помощью высокопроизводительного метода жидкостной хроматографии – тандемной масс-спектрометрии (ЖХ-МС/МС, LC-MS/MS) получены данные по метаболому 157 образцов и обнаружены 9321 структурных варианта, значительно ассоциированные с 1258 различными метаболитами, включая метаболиты флавоноидов, фенольных кислот и фосфолипидов. Для облегчения использования ресурсов пангенома разработана комплексная платформа – база данных PPDB (Potato Pangenome Database), размещенная на сайте SpudDB (<https://spuddb.uga.edu/index.shtml>). На платформе представлены: 51 сборка и аннотации геномов; полные каталоги SNP, полученные из 248 образцов на основе референсного генома DM8.1; данные транскриптома листьев, стеблей, корней и столонов из 5 образцов. Эта база данных включает в себя индекс генов, индекс вариаций, поиск транскриптома, разработку праймеров, обогащение GO, анализ путей KEGG, браузер генома, функции BLAST и загрузку ресурсов. Пользователи могут использовать Jbrowse для визуализации подробной информации о генах и характеристиках прилегающих последовательностях генома.

Сложный и динамичный геном культурного картофеля

В настоящее время на сайте NCBI размещены 97 геномов культурного картофеля, которые представлены в виде гаплоидной ДНК-последовательности. Для сортов 'Desiree', 'Ackersegen', 'Belle de Fontenay', 'Edzell Blue', 'Eigenheimer', 'Flava', 'Flourball', 'Katahdin', 'Otava', 'Lumper', 'Professor Wohltmann', 'Russet Burbank', 'White Rose' размещены по четыре последовательности (гаплотипа) каждого сорта. Для гибрида RH89-039-16 представлены последовательности двух гаплотипов. Референсные геномы DM1-3 516 R44, Solyntus, геномы российских сортов 'Fritella', 'Golubizna', 'Grand', 'Gusar', 'Krasa Meshchery', 'Krasavchik', 'Krepysch', 'Meteor', 'Nevsky', 'Nikulinsky', 'Severnoe Siyanie', 'Sudarinya', 'Udacha', 'Zhukovsky Ranny', голландского сорта 'Symphonia', геномы дигаплоидов, клонов межвидовых гибридов и образцов *S. tuberosum* из коллекции CIP представлены в виде одной последовательности (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/datasets/genome/?taxon=4113>). Эти данные вместе с информацией с других сайтов – SpudDB (<https://spuddb.uga.edu/index.shtml>) и NGDC (<https://ngdc.cncb.ac.cn/gwh/submit/27179/step?status=1>) – являются всеобщим ресурсом для фундаментальных исследований и практической селекционной работы с картофелем.

Проведенные за 15 лет исследования в области геномики картофеля подтвердили более ранние сведения

о сложности генетической природы тетраплоидных коммерческих и аборигенных сортов, а также диплоидных и полиплоидных культурных видов картофеля из стран Южной Америки. Получены новые доказательства высокой гетерогенности, аллельного разнообразия и изменчивости генома картофеля, интрогрессии генетического материала диких видов в культурный картофель.

Продemonстрирована внутригеномная и межгеномная изменчивость тетраплоидных сортов картофеля. Обширная структурная изменчивость обнаружена между тетраплоидными геномами и в пределах одного тетраплоидного генома (то есть изменчивость между гаплотипами и внутри гаплотипов). В сравнении с другими сельскохозяйственными культурами (сахарная свекла, кукуруза, соя) у сортов картофеля наиболее высока вариативность последовательности генома: в зависимости от образца *S. tuberosum* и участка генома частота вариантов может составлять один на 16–58 пн (Uitdewilligen et al., 2013; Kyriakidou, et al., 2020a; Sun et al., 2025). Количество структурных вариаций и гаплотип-специфических последовательностей у картофеля намного выше, чем сообщалось для любого другого вида сельскохозяйственных культур. У картофеля идентифицировано разнообразие структурных вариантов: мобильные элементы (TEs – transposable elements), сегментные дупликации, тандемные повторы и сателлитные повторы (Cheng et al., 2025). В совокупности эта внутри- и межгеномная вариативность означает, что картофель имеет один из самых сложных геномов среди всех сельскохозяйственных культур. В создание структурных вариаций генома картофеля и родственных видов основной вклад вносят мобильные элементы, которые являются важным фактором эволюции видов секции *Petota* и влияют на структуру и функции генома сортового картофеля. Среди транспозонов ретротранспозоны идентифицированы как наиболее многочисленный класс в геномах тетраплоидных сортов (Hoopes et al., 2022), диплоидных и полиплоидных видов картофеля (Bozan et al., 2023). Аллельное разнообразие картофеля включает однонуклеотидные полиморфизмы (SNP), небольшие вставки/делеции и крупные структурные перестройки, включая делеции размером до 575 кб (Hardigan et al., 2017; Pham et al., 2017). Культивируемый картофель отличается большим количеством различных аллелей, часто превышающим 10 аллелей на локус; сорта обладают высокой гетерозиготностью, имея более трех различных аллелей на локус (Visser et al., 2014).

Высокий уровень структурных различий характерен для геномов культурных видов картофеля, местные популяции которых, размножаемые в виде клонов, отличаются более высокой степенью структурной изменчивости, чем наблюдаемая у диплоидных, размножающихся половым путем диких видов. Обилие мобильных элементов и более выраженная генетическая дивергенция гаплотипов культурного картофеля, чем у диких видов, указывают на множественные события гибридизации в эволюции культурных видов в процессе domestikации картофеля (Cheng et al., 2025). Эволюция видов секции *Petota* имеет сложную историю, в которой дрейф генов, межвидо-

вая гибридизация, разнонаправленность естественного и искусственного отбора вместе со способностью к генеративному и вегетативному размножению обеспечили возникновение колоссального генетического разнообразия культурных и диких видов картофеля. Обнаружено, что в геноме картофеля существенно расширен репертуар генов устойчивости к болезням по сравнению с близкородственными пасленовыми культурами, размножаемыми семенами (Tang et al., 2022). Подтверждены ранее сделанные выводы о том, что культивируемый в странах Южной Америки картофель происходит от дикого вида *S. candolleianum* и диплоидный культурный вид *S. tuberosum* группы *Stenotomum* может быть наиболее близким родичем среди форм, участвовавших в формировании тетраплоидного картофеля *S. tuberosum* группы *Andigenum*.

Геном культурного картофеля представляет собой совокупность интрогрессий от многих диких сородичей. Модели интрогрессии, наблюдаемые в пангеноме, в частности высокая доза интрогрессии материала диких видов в культурный картофель, преобладание небольших интрогрессий из различных источников, сходные участки интрогрессий у сортового картофеля, а также тенденция интрогрессированных генов к высокой экспрессии, — все это указывает на длительную историю гибридизации дикорастущих и культивируемых видов в процессе доместикации картофеля в Южной Америке. Интрогрессивные регионы у культурных видов обогащены генами, функции которых связаны с адаптацией к абиотическим и биотическим факторам среды, что согласуется с отбором на повышенную приспособленность к различным условиям. История адаптивной интрогрессии у картофеля началась еще до использования метода межвидовой гибридизации в селекции картофеля. На это указывают обширные участки генетического материала южноамериканских диких видов на 1-й, 5-й и 8-й хромосомах в геноме голландского сорта 'Elgenheimer', выведенного в 1895 году, на 12-й хромосоме в геноме сорта 'Edzell Blue', выведенного в Великобритании до 1890 года, и других сортов (Sun et al., 2025).

У тетраплоидных сортов картофеля из разных стран, различных этапов селекции и разнообразного направления использования установлена специфическая особенность геномов, которая проявляется в заметном контрасте между наличием в одном геноме очень похожих и очень разных регионов. Высокое сходство между отдельными участками геномов может означать наличие общих предков (блоки IBD-inherited by descent), некоторые сходные участки могли быть сформированы посредством двойной редукции во время мейоза или при локальном подавлении мейотической рекомбинации в отдельных районах. Случаи подавления рекомбинации в эухроматиновых областях, связанные с крупными структурными вариантами, обнаружены у диплоидных образцов картофеля (Jiang et al., 2023). Сортоспецифичные хромосомные перестройки и хромосомоспецифичная вариабельность гаплотипов обеспечивают уникальные для каждого сорта распределения вариабельных участ-

ков ДНК-последовательностей при генеративном размножении.

Структурная вариабельность генома культурного картофеля и родственных видов оказывает влияние на функции генов. У диких видов картофеля 23% структурных вариантов генов затрагивают кодирующие последовательности (инделы экзонов, транслокации и дупликации) и 19,6% структурных вариантов затрагивают регуляторные области, которые достоверно связаны с различиями в экспрессии. Например, вставка размером 867 пн, расположенная на хромосоме 2 ниже области гена крахмал-синтазы *SSIII*, или делеция размером 135 пн в третьем экзоне гена *SSIII* достоверно влияли на содержание крахмала в клубнях диких видов картофеля (Zhu et al., 2025). У гена *StCDF1*, который является основным регулятором клубнеобразования и старения листьев, аллельный состав (наличие аллелей, кодирующих укороченный белок из-за структурной вариации во втором экзоне) и доза аллелей оказывали влияние на сроки созревания тетраплоидных сортов картофеля (Hoopes et al., 2022). У сорта 'Атлантик' при сравнении участков скаффолдов, соответствующих кластеру гена *R1*, только в одном из четырех гаплотипов обнаружена кодирующая последовательность, идентичная ранее опубликованной последовательности гена *R1*. В сравнении с кластерами *r1* (нефункциональный аллель) в геномах 'Атлантик', 'Solyntus' и DM, последовательность гена *R1* у сорта 'Атлантик' имеет меньший размер (почти на 100 кб) и содержит инверсию. Кластеры *r1* у разных гаплотипов различаются по расположению *NLR*-генов и TE. Исследователи предполагают, что существовал общий предок *R1*, который утратил свою функцию в гаплотипах *r1* или который приобрел новую активность в *R1* — потенциально в результате события инверсии (Hoopes et al., 2022).

Важным компонентом геномного разнообразия картофеля являются CNV (вариации числа копий), которые играют главную роль в проявлении адаптивных свойств видов и сортов картофеля (Hardigan et al., 2016; Hardigan et al., 2017; Pham et al., 2017; Achakkagari et al., 2022). CNV представляют собой источник естественной изменчивости, который может быть использован для генетического улучшения картофеля после точной и достоверной оценки числа копий и понимания функциональных последствий изменения их числа. Другая категория генов, обогащенных CNV, — гены, контролирующие устойчивость к болезням. Селекция картофеля на устойчивость к болезням в значительной степени опирается на интрогрессию генов из диких видов *Solanum*. Устойчивость картофеля к оомицетам, вирусным, бактериальным и грибным заболеваниям основана на *R*-генах или QTLs, часть из которых локализованы с *R*-генами устойчивости к тем же или разным патогенам, и семейства генов типа NBS-LRR (*NLR*) в настоящее время рассматривают как важный фактор проявления защитных реакций растений картофеля (Gebhardt, 2023). Гены *NLR* у сортов картофеля и видов секции *Petota* представлены в виде генных кластеров, что затрудняет их аннотирование. У диких видов картофеля число копий генов *NLR* варьирует от 478 (*S. morelliforme*

Bitter et Münch) до 1976 (*S. chacoense*), то есть иммунитет видов картофеля имеет разную эволюционную историю (Tang et al., 2022). Анализ ключевых *R*-генов, знание структуры кластеров *R*-генов в диких видах *Solanum*, которые несут признаки устойчивости к болезням, и порядка *R*-генов в гаплотипах сортового картофеля необходимы для идентификации и объединения эффективных аллелей генов устойчивости при создании новых гибридных форм в селекции картофеля.

Определение истинной степени аллельного разнообразия генов культурного картофеля и родственных видов *Solanum* еще предстоит сделать. Как отмечают Huang B. с соавторами (Huang et al., 2018), существует вероятность переоценки разнообразия из-за ослабленных процедур фильтрации SNP, что приводит к 3–4-кратному увеличению их количества у диплоидных диких и культурных видов картофеля. Необходимо совершенствование технологий сборки и фазирования полиплоидных геномов, поскольку в процессе сборки высокоидентичные последовательности из разных геномных участков (например, недавние сегментарные дубликации, длинные концевые повторы ретротранспозонов LTR) могут быть объединены в единую консенсусную последовательность (Zhu et al., 2025).

Геном тетраплоидного картофеля отличается обилием дисфункциональных и вредных аллелей. Из-за клональной природы размножения картофеля вредные и дисфункциональные аллели не удаляются через мейоз, что приводит к высокой генетической нагрузке и инбридинговой депрессии при самоопылении. В геноме гетерозиготного диплоидного клона RH89-039-16 выявлено значительное количество дисфункциональных аллелей, расположенных на одной хромосоме в паре с функциональными аллелями на гомологичной хромосоме, что маскирует вредное воздействие дисфункционального аллеля и способствует фенотипическому разнообразию (Potato Genome Sequencing Consortium et al., 2011; Zhou et al., 2020). У тетраплоидного картофеля, по сравнению с диплоидами, выше уровень вредных аллелей, гаплотипы, унаследованные от разных родителей, могут нести разное количество вредных аллелей (Bao et al., 2022; Hoopes et al., 2022; Sun et al., 2022).

Прогресс в секвенировании и создании гаплотип-разрешенных сборок сортов картофеля по-новому осветил проблемы, с которыми сталкиваются селекционеры картофеля в работе по идентификации лучших генотипов, сочетающих ключевые агрономические признаки с устойчивостью к неблагоприятным факторам среды. Сложность генома, выявленная у сортового картофеля, указывает на то, что выполнение геномного дизайна улучшенных тетраплоидных сортов представляет непростую задачу. Стало очевидно, сколь значительные усилия потребуются для выведения картофеля как диплоидной гибридной культуры. Благодаря конструированию пангенома картофеля идентифицировано множество структурных вариантов генов, связанных с устойчивостью к болезням, реакцией на стресс, агрономически важными признаками, обеспечением ключевых процес-

сов роста и развития растений. Вместе с тем генетическое разнообразие среди автотетраплоидных коммерческих сортов картофеля все еще в значительной степени не изучено. Необходимы дальнейшие исследования для определения истинной степени аллельного разнообразия в консервативных генах диких видов и культурных форм картофеля. Структурный и функциональный анализ перспективных локусов-кандидатов, связанных с целевыми признаками у диких видов, гибридных форм и культурных сортов, требуется для изучения закономерностей интрогрессивной селекции. Совершенствование технологий секвенирования и программного обеспечения для сборки и аннотации геномов полиплоидных видов будет содействовать прогрессу исследований в области геномики и практического использования полученных знаний в селекции картофеля. Дальнейшая расшифровка геномов картофеля и родственных клубнеобразующих видов имеет решающее значение для применения геномной селекции и маркер-опосредованных технологий с целью ускоренного создания новых сортов картофеля с заданными свойствами.

References / Литература

- Abbas Q., Wilhelm M., Kuster B., Poppenberger B., Frishman D. Exploring crop genomes: assembly features, gene prediction accuracy, and implications for proteomics studies. *BMC Genomics*. 2024;25(1):619. DOI: [10.1186/s12864-024-10521-w](https://doi.org/10.1186/s12864-024-10521-w)
- Achakkagari S.R., Kyriakidou M., Gardner K.M., De Koeber D., De Jong H., Strömvik M.V. et al. Genome sequencing of adapted diploid potato clones. *Frontiers in Plant Science*. 2022;13:954933. DOI: [10.3389/fpls.2022.954933](https://doi.org/10.3389/fpls.2022.954933)
- Agha H.I., Shannon L.M., Morrell P.L. Unloading potatoes: Potato breeding moves forward with only half the genome. *Cell Genomics*. 2023;3(6):100343. DOI: [10.1016/j.xgen.2023.100343](https://doi.org/10.1016/j.xgen.2023.100343)
- Arabidopsis Genome Initiative. Analysis of the genome sequence of the flowering plant *Arabidopsis thaliana*. *Nature*. 2000;408(6814):796–815. DOI: [10.1038/35048692](https://doi.org/10.1038/35048692)
- Aversano R., Contaldi F., Ercolano M.R., Grosso V., Iorizzo M., Tatino F. et al. The *Solanum commersonii* genome sequence provides insights into adaptation to stress conditions and genome evolution of wild potato relatives. *The Plant Cell*. 2015;27(4):954–968. DOI: [10.1105/tpc.114.135954](https://doi.org/10.1105/tpc.114.135954)
- Bao Z., Li C., Li G., Wang P., Peng Z., Cheng L. et al. Genome architecture and tetrasomic inheritance of autotetraploid potato. *Molecular Plant*. 2022;15(7):1211–1226. DOI: [10.1016/j.molp.2022.06.009](https://doi.org/10.1016/j.molp.2022.06.009)
- Bayer P.E., Golitz A.A., Scheben A., Batley J., Edwards D. Plant pan-genomes are the new reference. *Nature. Plants*. 2020;6(8):914–920. DOI: [10.1038/s41477-020-0733-0](https://doi.org/10.1038/s41477-020-0733-0)
- Bernal-Gallardo J.J., de Folter S. Plant genome information facilitates plant functional genomics. *Planta*. 2024;259(5):117. DOI: [10.1007/s00425-024-04397-z](https://doi.org/10.1007/s00425-024-04397-z)
- Bonthala V.S., Stich B. Genetic divergence of lineage-specific tandemly duplicated gene clusters in four diploid potato genotypes. *Frontiers in Plant Science*. 2022;13:875202. DOI: [10.3389/fpls.2022.875202](https://doi.org/10.3389/fpls.2022.875202)
- Bozan I., Achakkagari S.R., Anglin N.L., Ellis D., Tai H.H., Strömvik M.V. Pangenome analyses reveal impact of transposable elements and ploidy on the evolution of potato species. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*. 2023;120(31):e221117120. DOI: [10.1073/pnas.221117120](https://doi.org/10.1073/pnas.221117120)
- Bradshaw J.E. Potato breeding: theory and practice. Cham: Springer International Publishing; 2021. DOI: [10.1007/978-3-030-64414-7](https://doi.org/10.1007/978-3-030-64414-7)
- Cheng L., Wang N., Bao Z., Zhou Q., Guarracino A., Yang Y. et al. Leveraging a phased pangenome for haplotype design of hybrid potato. *Nature*. 2025;640(8058):408–417. DOI: [10.1038/s41586-024-08476-9](https://doi.org/10.1038/s41586-024-08476-9)
- DRYAD. Potato super pangenome v1.0: [website]. Available from: <https://datadryad.org/dataset/doi:10.5061/dryad.cfxpnvxbn>

[accessed Jan. 25, 2026].

- Freire R., Weisweiler M., Guerreiro R., Baig N., Hüttel B., Obeng-Hinne E. et al. Chromosome-scale reference genome assembly of a diploid potato clone derived from an elite variety. *G3 (Bethesda)*. 2021;11(12):jkab330. DOI: [10.1093/g3journal/jkab330](https://doi.org/10.1093/g3journal/jkab330)
- Fulton T.M., Van der Hoeven R., Eannetta N.T., Tanksley S.D. Identification, analysis, and utilization of conserved ortholog set markers for comparative genomics in higher plants. *The Plant Cell*. 2002;14(7):1457-1467. DOI: [10.1105/tpc.010479](https://doi.org/10.1105/tpc.010479)
- Gebhardt C. A physical map of traits of agronomic importance based on potato and tomato genome sequences. *Frontiers in Genetics*. 2023;14:1197206. DOI: [10.3389/fgene.2023.1197206](https://doi.org/10.3389/fgene.2023.1197206)
- Gebhardt C. The historical role of species from the Solanaceae plant family in genetic research. *Theoretical and Applied Genetics*. 2016;129(12):2281-2294. DOI: [10.1007/s00122-016-2804-1](https://doi.org/10.1007/s00122-016-2804-1)
- Godec T., Beier S., Rodriguez-Granados N.Y., Sasidharan R., Abdelhakim L., Teige M. et al. Haplotype-resolved genome assembly of the tetraploid potato cultivar Désirée. *Scientific Data*. 2025;12(1):1044. DOI: [10.1038/s41597-025-05372-3](https://doi.org/10.1038/s41597-025-05372-3)
- Gong L., Zhang L., Zhang H., Nie F., Liu Z., Liu X. et al. Haplotype-resolved genome assembly and genome-wide association study identifies the candidate gene closely related to sugar content and tuber yield in *Solanum tuberosum*. *Horticulture Research*. 2025;12(6):uhaf075. DOI: [10.1093/hr/uhaf075](https://doi.org/10.1093/hr/uhaf075)
- Hardigan M.A., Bamberg J., Buell C.R., Douches D.S. Taxonomy and genetic differentiation among wild and cultivated germplasm of *Solanum* sect. *Petota*. *The Plant Genome*. 2015;8(1):eplantgenome2014.06.0025. DOI: [10.3835/plantgenome2014.06.0025](https://doi.org/10.3835/plantgenome2014.06.0025)
- Hardigan M.A., Crisovan E., Hamilton J.P., Kim J., Laimbeer P., Leisner C.P. et al. Genome reduction uncovers a large dispensable genome and adaptive role for copy number variation in asexually propagated *Solanum tuberosum*. *The Plant Cell*. 2016;28(2):388-405. DOI: [10.1105/tpc.15.00538](https://doi.org/10.1105/tpc.15.00538)
- Hardigan M.A., Laimbeer F.P.E., Newton L., Crisovan E., Hamilton J.P., Vaillancourt B. et al. Genome diversity of tuber-bearing *Solanum* uncovers complex evolutionary history and targets of domestication in the cultivated potato. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*. 2017;114(46):E9999-E10008. DOI: [10.1073/pnas.1714380114](https://doi.org/10.1073/pnas.1714380114)
- Henry R.J. Progress in plant genome sequencing. *Applied Biosciences*. 2022;1(2):113-128. DOI: [10.3390/applbiosci1020008](https://doi.org/10.3390/applbiosci1020008)
- Hoopes G., Meng X., Hamilton J.P., Achakkagari S.R., de Alves Freitas Guesdes F., Bolger M.E. et al. Phased, chromosome-scale genome assemblies of tetraploid potato reveal a complex genome, transcriptome, and predicted proteome landscape underpinning genetic diversity. *Molecular Plant*. 2022;15(3):520-536. DOI: [10.1016/j.molp.2022.01.003](https://doi.org/10.1016/j.molp.2022.01.003)
- Hou M., Pang S. Plant pan-genomics: opportunities, advances, and challenges. *Journal of Data Science and Intelligent Systems*. 2024;00(00):1-10. DOI: [10.47852/bonviewJDSIS42023107](https://doi.org/10.47852/bonviewJDSIS42023107)
- Huang B., Spooner D.M., Liang Q. Genome diversity of the potato. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*. 2018;115(28):E6392-E6393. DOI: [10.1073/pnas.1805917115](https://doi.org/10.1073/pnas.1805917115)
- Jiang X., Li D., Du H., Wang P., Guo L., Zhu G. et al. Genomic features of meiotic crossovers in diploid potato. *Horticulture Research*. 2023;10(6):uhad079. DOI: [10.1093/hr/uhad079](https://doi.org/10.1093/hr/uhad079)
- Karetnikov D.I., Vasiliev G.V., Toshchakov S.V., Shmakov N.A., Genaev M.A., Nesterov M.A. et al. Analysis of genome structure and its variations in potato cultivars grown in Russia. *International Journal of Molecular Sciences*. 2023;24(6):5713. DOI: [10.3390/ijms24065713](https://doi.org/10.3390/ijms24065713)
- Knapp S., Bohs L., Nee M., Spooner D.M. Solanaceae – a model for linking genomics with biodiversity. *Comparative and Functional Genomics*. 2004;5(3):285-291. DOI: [10.1002/cfg.393](https://doi.org/10.1002/cfg.393)
- Kyriakidou M., Achakkagari S.R., Gálvez López J.H., Zhu X., Tang C.Y., Tai H.H. et al. Structural genome analysis in cultivated potato taxa. *Theoretical and Applied Genetics*. 2020a;133(3):951-966. DOI: [10.1007/s00122-019-03519-6](https://doi.org/10.1007/s00122-019-03519-6)
- Kyriakidou M., Anglin N., Ellis D., Tai H.H., Strömvik M.V. Genome assembly of six polyploid potato genomes. *Scientific Data*. 2020b;7(1):88. DOI: [10.1038/s41597-020-0428-4](https://doi.org/10.1038/s41597-020-0428-4)
- Leisner C.P., Hamilton J.P., Crisovan E., Manrique-Carpintero N.C., Marand A.P., Newton L. et al. Genome sequence of M6, a diploid inbred clone of the high-glycoalkaloid-producing tuber-bearing potato species *Solanum chacoense*, reveals residual heterozygosity. *The Plant Journal*. 2018;94(3):562-570. DOI: [10.1111/tpj.13857](https://doi.org/10.1111/tpj.13857)
- Matthews C.A., Watson-Haigh N.S., Burton R.A., Sheppard A.E. A gentle introduction to pangenomics. *Briefings in Bioinformatics*. 2024;25(6):bbae588. DOI: [10.1093/bib/bbae588](https://doi.org/10.1093/bib/bbae588)
- Michael T.P., VanBuren R. Building near-complete plant genomes. *Current Opinion in Plant Biology*. 2020;54:26-33. DOI: [10.1016/j.pbi.2019.12.009](https://doi.org/10.1016/j.pbi.2019.12.009)
- Morgante M., De Paoli E., Radovic S. Transposable elements and the plant pan-genomes. *Current Opinion in Plant Biology*. 2007;10(2):149-155. DOI: [10.1016/j.pbi.2007.02.001](https://doi.org/10.1016/j.pbi.2007.02.001)
- Nature: [website]. Available from: <https://www.nature.com/nature/articles> [accessed Jan. 09, 2026].
- NGDC. National Genomics Data Center: [website]. Available from: <https://ngdc.cncb.ac.cn/gwh/submit/27179/step?status=1> [accessed Jan. 09, 2026].
- NIH. National Library of Medicine. National Center for Biotechnology Information. NCBI Datasets: [website]. Available from: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/datasets/genome/?taxon=4113> [accessed Jan. 09, 2026].
- NIH. National Library of Medicine. National Center for Biotechnology Information. GenBank: [website]. Available from: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank> [accessed Jan. 09, 2026].
- Paz M.M., Veilleux R.E. Influence of culture medium and *in vitro* conditions on shoot regeneration in *Solanum phureja* monoloids and fertility of regenerated doubled monoloids. *Plant Breeding*. 1999;118(1):53-57. DOI: [10.1046/j.1439-0523.1999.118001053.x](https://doi.org/10.1046/j.1439-0523.1999.118001053.x)
- Pham G.M., Hamilton J.P., Wood J.C., Burke J.T., Zhao H., Vaillancourt B. et al. Construction of a chromosome-scale long-read reference genome assembly for potato. *Gigascience*. 2020;9(9):giaa100. DOI: [10.1093/gigascience/giaa100](https://doi.org/10.1093/gigascience/giaa100)
- Pham G.M., Newton L., Wiegert-Rininger K., Vaillancourt B., Douches D.S., Buell C.R. Extensive genome heterogeneity leads to preferential allele expression and copy number-dependent expression in cultivated potato. *The Plant Journal*. 2017;92(4):624-637. DOI: [10.1111/tpj.13706](https://doi.org/10.1111/tpj.13706)
- Phytozome 14. The Plant Genomics Resource: [website]. Available from: <https://phytozome-next.jgi.doe.gov> [accessed Jan. 09, 2026].
- PLAZA. A resource for plant comparative genomics: [website]. Available from: <https://bioinformatics.psb.ugent.be/plaza> [accessed Jan. 09, 2026].
- Potato Genome Sequencing Consortium; Xu X., Pan S., Cheng S., Zhang B., Mu D. Genome sequence and analysis of the tuber crop potato. *Nature*. 2011;475(7355):189-195. DOI: [10.1038/nature10158](https://doi.org/10.1038/nature10158)
- Rabanus-Wallace M.T., Stein N. Why 2022 is a revolutionary year for potato genomics. *Molecular Plant*. 2022;15(8):1257-1259. DOI: [10.1016/j.molp.2022.06.015](https://doi.org/10.1016/j.molp.2022.06.015)
- Reyes-Herrera P.H., Delgadillo-Duran D.A., Flores-Gonzalez M., Mueller L.A., Cristancho M.A., Barrero L.S. Chromosome-scale genome assembly and annotation of the tetraploid potato cultivar Diacol Capiro adapted to the Andean region. *G3 (Bethesda)*. 2024;14(9):jkae139. DOI: [10.1093/g3journal/jkae139](https://doi.org/10.1093/g3journal/jkae139)
- Rogozina E.V., Khavkin E.E. Interspecific potato hybrids as donors of durable resistance to pathogens. *Vavilov Journal of Genetics and Breeding*. 2017;21(1):30-41. [in Russian] (Рогозина Е.В., Хавкин Э.Е. Межвидовые гибриды картофеля как доноры долговременной устойчивости к патогенам. *Вавиловский журнал генетики и селекции*. 2017;21(1):30-41). DOI: [10.18699/VJ17.221](https://doi.org/10.18699/VJ17.221)
- Serra Mari R., Schrunner S., Finkers R., Ziegler F.M.R., Arens P., Schmidt M.H. et al. Haplotype-resolved assembly of a tetraploid potato genome using long reads and low-depth offspring data. *Genome Biology*. 2024;25(1):26. DOI: [10.1186/s13059-023-03160-z](https://doi.org/10.1186/s13059-023-03160-z)
- Sharma S.K., Bolser D., de Boer J., Sønderkær M., Amoros W., Carboni M.F. et al. Construction of reference chromosome-scale pseudomolecules for potato: Integrating the potato genome with genetic and physical maps. *G3 (Bethesda)*. 2013;3(11):2031-2047. DOI: [10.1534/g3.113.007153](https://doi.org/10.1534/g3.113.007153)
- Sigaux F. Cancer genome or the development of molecular portraits of tumors. *Bulletin de l'Académie Nationale de Médecine*. 2000;184(7):1441-1447 (discussion 1448-1449). [in French]
- Spooner D.M., Ghislain M., Simon R., Jansky S.H., Gavrilenko T. Systematics, diversity, genetics, and evolution of wild and cultivated potatoes. *The Botanical Review*. 2014;80(4):283-383. DOI: [10.1007/s12229-014-9146-y](https://doi.org/10.1007/s12229-014-9146-y)
- SpudDB. Potato Genomics Resource: [website]. Available from: <https://spuddb.uga.edu/index.shtml> [accessed Jan. 21, 2026].
- Sun H., Jiao W.B., Krause K., Campoy J.A., Goel M., Folz-Donahue K.

- et al. Chromosome-scale and haplotype-resolved genome assembly of a tetraploid potato cultivar. *Nature Genetics*. 2022;54(3):342-348. DOI: [10.1038/s41588-022-01015-0](https://doi.org/10.1038/s41588-022-01015-0)
- Sun H., Tusso S., Dent C.I., Goel M., Wijffes R., Baus L.C. et al. The phased pan-genome of tetraploid European potato. *Nature*. 2025;642:389-397. DOI: [10.1038/s41586-025-08843-0](https://doi.org/10.1038/s41586-025-08843-0)
- Tang D., Jia Y., Zhang J., Li H., Cheng L., Wang P. et al. Genome evolution and diversity of wild and cultivated potatoes. *Nature*. 2022;606(7914):535-541. DOI: [10.1038/s41586-022-04822-x](https://doi.org/10.1038/s41586-022-04822-x)
- Tettelin H., Masignani V., Cieslewicz M.J., Donati C., Medini D., Ward N.L. et al. Genome analysis of multiple pathogenic isolates of *Streptococcus agalactiae*: implications for the microbial "pan-genome". *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*. 2005;102(39):13950-13955. DOI: [10.1073/pnas.0506758102](https://doi.org/10.1073/pnas.0506758102)
- The European Cultivated Potato Database: [website]. Available from: <https://www.europotato.org/varieties/view/Otava-E> [accessed Jan. 09, 2026].
- Uitdewilligen J.G.A.M.L., Wolters A.M.A., D'hoop B.B., Borm T.J., Visser R.G., van Eck H.J. A next-generation sequencing method for genotyping-by-sequencing of highly heterozygous autotetraploid potato. *PLoS One*. 2013;8(5):e62355. DOI: [10.1371/journal.pone.0062355](https://doi.org/10.1371/journal.pone.0062355)
- Van Lieshout N., van der Burgt A., de Vries M.E., Ter Maat M., Eickholt D., Esselink D. et al. Solytus, the new highly contiguous reference genome for potato (*Solanum tuberosum*). *G3 (Bethesda)*. 2020;10(10):3489-3495. DOI: [10.1534/g3.120.401550](https://doi.org/10.1534/g3.120.401550)
- Van Os H., Andrzejewski S., Bakker E., Barrena I., Bryan G., Caromel B. et al. Construction of a 10,000-marker ultradense genetic recombination map of potato: Providing a framework for accelerated gene isolation and a genomewide physical map. *Genetics*. 2006;173(2):1075-1087. DOI: [10.1534/genetics.106.055871](https://doi.org/10.1534/genetics.106.055871)
- Visser R.G.F., Bachem C.W.B., Borm T., de Boer J., van Eck H.J., Finkers R. et al. Possibilities and challenges of the potato genome sequence. *Potato Research*. 2014;57(3-4):327-330. DOI: [10.1007/s11540-015-9282-8](https://doi.org/10.1007/s11540-015-9282-8)
- Wageningen University & Research. Potato Pedigree Database: [website]. Available from: <https://www.plantbreeding.wur.nl/PotatoPedigree> [accessed Jan. 09, 2026].
- Wang F., Xia Z., Zou M., Zhao L., Jiang S., Zhou Y. et al. The autotetraploid potato genome provides insights into highly heterozygous species. *Plant Biotechnology Journal*. 2022;20(10):1996-2005. DOI: [10.1111/pbi.13883](https://doi.org/10.1111/pbi.13883)
- Yang X., Zhang L., Guo X., Xu J., Zhang K., Yang Y. et al. The gap-free potato genome assembly reveals large tandem gene clusters of agronomical importance in highly repeated genomic regions. *Molecular Plant*. 2023;16(2):314-317. DOI: [10.1016/j.molp.2022.12.010](https://doi.org/10.1016/j.molp.2022.12.010)
- Zhang C., Yang Z., Tang D., Zhu Y., Wang P., Li D. et al. Genome design of hybrid potato. *Cell*. 2021;184(15):3873-3883. DOI: [10.1016/j.cell.2021.06.006](https://doi.org/10.1016/j.cell.2021.06.006)
- Zhou Q., Tang D., Huang W., Yang Z., Zhang Y., Hamilton J.P. et al. Haplotype-resolved genome analyses of a heterozygous diploid potato. *Nature Genetics*. 2020;52(10):1018-1023. DOI: [10.1038/s41588-020-0699-x](https://doi.org/10.1038/s41588-020-0699-x)
- Zhu X., Yang R., Liang Q., Yu Y., Wang T., Meng L. et al. Graph-based pangenome provides insights into the structural variation and genetic basis of metabolic traits in potato. *Molecular Plant*. 2025;18(4):590-602. DOI: [10.1016/j.molp.2025.01.017](https://doi.org/10.1016/j.molp.2025.01.017)

Информация об авторе

Елена Вячеславовна Рогозина, доктор биологических наук, ведущий научный сотрудник, отдел генетических ресурсов картофеля, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова, 190000 Россия, Санкт-Петербург, ул. Б. Морская, 42, 44, rogozinaelena@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0002-2743-068X>

Information about the author

Elena V. Rogozina, Dr. Sci. (Biology), Leading Researcher, Department of Potato Genetic Resources, N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources, 42, 44 Bolshaya Morskaya Street, St. Petersburg 190000 Russia, rogozinaelena@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0002-2743-068X>

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 25.08.2025; одобрена после рецензирования 09.09.2025; принята к публикации 22.09.2025.

The article was submitted on 25.08.2025; approved after reviewing on 09.09.2025; accepted for publication on 22.09.2025.

К 100-летию отдела генетических ресурсов плодовых культур ВИР

Н. Г. Тихонова

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

Автор, ответственный за переписку: Надежда Геннадьевна Тихонова, n.g.tikhonova@vir.nw.ru

В 2025 году отдел генетических ресурсов плодовых культур ВИР отмечает свой вековой юбилей. Первым руководителем сформированного отдела стал уже широко известный на то время плодород – Василий Васильевич Пашкевич. Наряду с Пашкевичем, история отдела связана с такими именами, как Кордон Р.Я., Лихонос Ф.Д., Рубцов Г.А., Тарасенко Г.Г., Нестеров Я.С., Майорова В.И., Пономаренко В.В., Костина К.Ф., Витковский В.Л., Розанова М.А., Павлова Н.М., Бологовская Р.П., Плеханова М.Н., Юшев А.А. и др. В 23–30-е гг. прошлого столетия была создана сеть опытных станций (Полярная, Среднеазиатская, Павловская, Туркменская, Дальневосточная, Майкопская, Волгоградская и др.), которая позволила разместить разнообразие плодовых культур в зонах, оптимальных для их произрастания. За 100 лет сеть станций претерпела изменения. По данным 2025 года генофонд плодовых культур сохраняется на 10 опытных станциях – филиалах ВИР и составил 19 056 образцов, в том числе семечковые культуры (яблоня, груша, айва, рябина, ирга) – 5229, косточковые культуры (слива, терн, алыча, вишня, черешня, абрикос, персик, черемуха) – 6378, ягодные (земляника, малина, ежевика, смородина черная и красная, крыжовник, жимолость, калина, актинидия) – 3757, орехоплодные – 227, декоративные – 2039, виноград – 1408 и субтропические культуры – 18. Собранный генофонд включает в себя ценные образцы староместных сортов, источники и доноры ценных селекционно-хозяйственных признаков, дикорастущие родичи культурных растений, районированный сортимент.

Со времени создания и по сегодняшний день отдел генетических ресурсов плодовых культур собирает, сохраняет и изучает, используя как классические методы, так и современные подходы, мировое разнообразие плодовых, ягодных, декоративных, орехоплодных, субтропических культур и винограда. Эффективное использование генофонда плодовых культур в различных селекционных программах позволит обеспечить население страны разнообразным сортиментом качественных и полезных плодов и ягод.

Ключевые слова: генофонд, плодовые культуры, ягодные, декоративные, виноград, коллекции, опытные станции

Благодарности: работа выполнена в рамках реализации Программы развития Национального центра генетических ресурсов растений по соглашению с Минобрнауки России от 26.02.2025 № 075-02-2025-1584.

Для цитирования: Тихонова Н.Г. К 100-летию отдела генетических ресурсов плодовых культур ВИР. *Бюллетень ВИР*. 2025;(246):38-49.

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, авторам и их месту работы.

© Тихонова Н.Г., 2025

Review article

On the 100th Anniversary of the Fruit Crop Genetic Resources Department of VIR

Nadezhda G. Tikhonova

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

Corresponding author: Nadezhda G. Tikhonova, n.g.tikhonova@vir.nw.ru

In 2025, the Fruit Crop Genetic Resources Department of VIR celebrates its centenary. The first head of the newly established department was a fruit grower Vasily Vasilyevich Pashkevich, already renowned at that time. Along with Pashkevich, the history of the department is associated with such names as Kordon R.Ya., Likhonos F.D., Rubtsov G.A., Tarasenko G.G., Nesterov Y.S., Mayorova V.I., Ponomarenko V.V., Kostina K.F., Vitkovsky V.L., Rozanova M.A., Pavlova N.M., Bologovskaya R.P., Plekhanova M.N., Yushev A.A., etc. Between the 1923-1930s, a network of experiment stations (Polar, Central Asian, Pavlovsk, Turkmen, Far Eastern, Maykop, Volgograd, and other stations) was established and allowed for the placement of a variety of fruit crops in the zones optimal for their growth. Over the past 100 years, the network of stations has undergone significant changes. According to the data for 2025, the fruit crop gene pool preserved at 10 experiment stations (branches of VIR) totals 19,056 accessions, including 5,229 of pome crops (apple, pear, quince, rowan, saskatoon), 6,378 of stone fruits (plum, blackthorn, cherry plum, cherry, sweet cherry, apricot, peach, and bird cherry), 3,757 of berry crops (strawberries, raspberries, blackberries, black and red currants, gooseberries, honeysuckle, viburnum, actinidia), 227 of nut crops, 2,039 of ornamentals, 1,408 of grape and 18 of subtropical crops. The collected gene pool includes valuable landrace accessions, sources and donors of important breeding and economic traits, wild relatives of and an assortment of regionally adapted cultivated plants.

From its inception to the present day, the Department of Fruit Crop Genetic Resources has been collecting, preserving, and studying the global diversity of fruit, berry, ornamental, nut, subtropical crops, and grapes using both classical methods and modern approaches. Effective use of the fruit crop gene pool in a variety of breeding programs will enhance the supply of a diverse assortment of high quality and healthy fruits and berries to the population of the country.

Keywords: gene pool, fruit crops, berries, ornamental, grapes, collections, experiment stations

Acknowledgments: the work was carried out as part of the implementation of the Development Program of the National Center for Plant Genetic Resources under Agreement No. 075-02-20251584 with the Ministry of Science and Higher Education of the Russian Federation dated February 26, 2025.

For citation: Tikhonova N.G. On the 100th Anniversary of the Fruit Crop Genetic Resources Department of VIR. *VIR Bulletin*. 2025;(246):38-49. (In Russ.).

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 employer.

© Tikhonova N.G., 2025

Отдел плодоводства, огородничества и специальных культур был организован по инициативе Н. И. Вавилова в 1925 году. Возглавил новый отдел «пионер научного плодоводства» будущий академик ВАСХНИЛ Василий Васильевич Пашкевич (Vitkovsky, 2025b).

При его активном участии в 20–30-х годах прошлого века была создана сеть опытных станций института, на которых заложили мировое разнообразие плодовых культур. В этот период были созданы Полярная (Мурманская область, 1923 г.), Среднеазиатская (Ташкент, 1924 г.), Павловская (Ленинградская область, 1926 г.), Сухумская (Абхазия, 1926 г.), Туркменская (Кара-Кала, 1927 г.), Дальневосточная (Приморский край, 1929 г.), Майкопская (Адыгея, Шунтук, 1930 г.), Волгоградская (Краснослободск, 1932 г.) и Крымская помологическая станция (Крым, Бахчисарай, 1937 г.). Позднее была присоединена Крымская опытно-селекционная станция (Краснодарский край, Крымск, 1958 г.).

Обширная географическая сеть опытных станций позволила заложить коллекции плодовых, ягодных, орехоплодных, цитрусовых и южных субтропических культур в оптимальных для культуры климатических условиях.

Говоря о 100-летнем юбилее отдела нельзя не вспомнить людей, которые на протяжении вековой истории собирали, изучали и сохраняли генофонд садовых культур. **Василий Васильевич Пашкевич** был приглашен в ВИР Н. И. Вавиловым. Во время становления отдела проводил организацию опорных пунктов и станций по плодоводству, собрал вокруг себя ученых-плодоводов, соратников, активно участвовал в экспедициях, изучая и привлекая дикорастущих родичей культурных растений, а также местные сорта плодовых культур (Shlyavas, 2018; Vitkovsky, 2025b).

Семечковые культуры

У истоков формирования коллекции семечковых культур стоял такой выдающийся пловод, как **Рудольф Янович Кордон**, который во время Великой Отечественной войны был главным хранителем семян коллекции ВИР в блокадном Ленинграде (Shlyavas, 2025). После прорыва блокады города, в апреле 1944 г. Кордон был командирован на экспериментальную базу института «Красный пахарь» в г. Павловск под Ленинградом для начала работ по восстановлению хозяйства базы, разрушенной немецкими оккупантами. Основной культурой, с которой Рудольф Янович работал долгие годы, была яблоня. Талантливый селекционер вместе с другими учеными создал 12 сортов яблони, два из которых были районированы по Ленинградской области. Рудольф Янович проделал большую работу по изучению айвы. Является соавтором многотомного монографического издания – «Культурная флора СССР», издававшегося с 1935 по 1999 г. Для 17-го тома «Орехоплодные» (Kordon et al., 1936) он написал главы о пекане и фисташке. Кроме научной работы, он занимался научно-агрономической деятельностью, консультируя колхозы по закладке плодово-ягодных садов вокруг Ленинграда, которые должны

были накормить витаминами мегаполис.

Федор Дмитриевич Лихонос в отделе возглавлял культуру яблони, им впервые интродуцированы лучшие промышленные сорта яблони ('Уэлси', 'Джонатан', 'Делишес' и др.). Лихонос изучал дикорастущие виды яблони и разработал их систематику, методику селекционной работы с яблоней (Ponomarenko, Shlyavas, 2007; Ponomarenko, 2025). Он является одним из авторов тома «Культурной флоры СССР», посвященного семечковым растениям (Likhonos et al., 1983).

Григорий Александрович Рубцов был одним из ведущих pomологов довоенной поры (Tuz et al., 2007; Tuz, Koshelev, 2025). Он автор первый в нашей стране монографии рода *Pyrus* L. Григорий Александрович проводил огромную работу по изучению культурного сортимента и диких видов рода *Pyrus*. Именно на территории «Красного пахаря» создали первую коллекцию груши, где были собраны и закреплены сорта северо-западных и центральных областей, а также образцов из Мичуринска. Позднее он принимал активное участие в создании коллекций груши на Майкопской опытной и Крымской помологической станциях, где собран сортовой материал из Италии, Франции, Англии, Германии и США; одновременно создается и видовая коллекция груши. На экспериментальной базе Рубцов с коллегами ведет активную селекционную работу. В послевоенные годы из созданного гибридного фонда выделены сорта груши: 'Ленинградская', 'Павловская', 'Десертная', 'Кордоновка' и др.

Григорий Георгиевич Тарасенко (Turitsyn et al., 2025). В своей крупнейшей монографии «Яблоня» Тарасенко привел результаты анализа состояния культуры в стране и за рубежом, описания районированных и перспективных сортов, рекомендации по их выращиванию (Tarasenko, 1941). Григорий Георгиевич изучал проблему подвоев, стерильности и фертильности пыльцы, подбора родительских форм для отдаленной гибридизации и селекции. Он исследовал *Malus baccata* (L.) Borkh. как исходный материал для селекции, доказал гибридное происхождение яблони сливолистной.

Яков Степанович Нестеров – его работа была посвящена биологии, сортоизучению, селекции и физиологии плодовых культур, в частности яблони и груши. Им проведены исследования по биологии роста и плодоношения (Shlyavas, Mezhdina, 2025). Я. С. Нестеровым совместно с В. А. Майоровой был разработан и опубликован первый в Советском Союзе классификатор рода *Malus* Mill., позволяющий дать наиболее полную унифицированную характеристику морфологических, биологических, хозяйственно ценных признаков яблони. В дальнейшем, в рамках Научно-технического совета стран – членов Совета экономической взаимопомощи (СЭВ) по коллекциям диких и культурных видов растений, Яков Степанович участвовал в создании широкого унифицированного классификатора СЭВ для родов *Malus* Mill., *Pyrus* L., *Cydonia* Mill.

Валентина Ильинична Майорова вместе со своими коллегами активно занималась селекционной работой по яблоне и является автором нескольких сортов. Валенти-

на Ильинична – разработчик классификатора семечковых культур.

Большой вклад в продолжение дела своих предшественников внес **Владимир Васильевич Пономаренко**. Вся его работа посвящена классификации видов и сортов яблони, теории происхождения *Malus domestica* Borkh., проблеме выделения для селекции доноров и источников хозяйственно ценных признаков у дикорастущих видов (Yushev, 2015). **Леонид Анатольевич Бурмистров** руководил исследованиями по груше, рябине, ирге. Свободно владея английским языком, с большим энтузиазмом участвовал в экспедициях за рубежом (Yushev, 2015).

Следует отметить сегодняшних кураторов и исследователей семечковых культур – **Петрову Марину Николаевну** и **Шлявас Анну Владимировну**, которые продолжают изучение собранного генофонда уже на новом уровне современных генетических исследований.

Косточковые культуры

Коллекция косточковых культур неразрывно связана с именем **Федора Авксентьевича Крюкова**, создавшего уникальную коллекцию сливы на опытных станциях ВИР (Vitkovsky, 2025a). Сфера его интересов включала историю происхождения культурных слив и географическое распространение их дикорастущих родичей. Монография «Слива», написанная Ф. А. Крюковым, не потеряла своей актуальности и по сегодняшний день (Kryukov, 1931, 1949). Его работы являются хорошим пособием и учебным материалом для обширного круга специалистов и любителей этой культуры. Ф. А. Крюков также является автором раздела «*Prunus* (Tourn.) L. (sens. Sts) – Слива» для тома «Культурная Флора СССР. Косточковые культуры» (не издан. – Прим. ред.).

Клавдия Федоровна Костина посвятила свою жизнь мобилизации, изучению и селекционной работе с косточковыми культурами, в частности с абрикосом и алычой. В очагах древнего земледелия совместно с другими сотрудниками института, К. Ф. Костина нашла неизвестные для того времени ценные сорта и формы косточковых культур. Как монограф культуры абрикос, она уделяет внимание разработке и классификации сортов (Gorina et al., 2025). Только в довоенный период Клавдия Федоровна опубликовала крупные и важные работы: «Культура абрикосов в Ферганской долине», «К развитию культуры абрикоса в СССР», «К изучению рода *Prunus* Focke», «Абрикос», всего более 30 публикаций.

Людмила Александровна Смольянинова в годы работы в ВИР занималась изучением сортов и биологией лещины (Kordon et al., 1936).

Активное участие в создании коллекций орехоплодных культур на филиалах ВИР принимал **Виталий Петрович Денисов**. Он проводил научно-исследовательскую работу по сбору, сохранению и изучению мирового генофонда персика, миндаля, лещины, ореха грецкого, каштана, пекана, фисташки. Виталий Петрович большое внимание уделял дикорастущим миндалям, участвовал в создании видовой коллекции миндаля на Крымской ОСС ВИР. Благодаря его усилиям были собраны коллек-

ции на Крымской помологической станции. Им разработан «Способ прививки плодовых деревьев в крону» на который получено свидетельство в Государственном реестре изобретений. В. П. Денисов опубликовал 97 научных работ, в том числе несколько классификаторов по орехоплодным.

Всеволод Леонидович Витковский был учеником Н. М. Павловой и первоначально занимался изучением генофонда ягодных культур. В дальнейшем сфера его интересов охватывала изучение рода *Prunus* L., его систематику, морфологию и органогенез, помологические особенности (Plekhanova, 2003; Vsevolod Leonidovich..., 2003; Ukhatova, Shlyavas, 2023). Всеволод Леонидович автор уникальной монографии «Морфогенез плодовых растений» (Vitkovsky, 1984), соавтор сортов смородины черной и сливы. Под его руководством и при непосредственном участии разработаны методики и классификаторы. Он активно участвовал в выпуске научно-популярной литературы по плодовым культурам. Его монография «Плодовые растения мира» является настольной книгой для ученых, студентов и плодоводов (Vitkovsky, 2003).

Сфера научной деятельности **Анатолия Андреевича Юшева** включала всестороннее изучение генофонда косточковых плодовых растений, преимущественно относящихся к роду *Cerasus* Mill. (вишня), выделение исходного материала для селекционного использования, систематики и классификации видового и сортового разнообразия (рис. 1, 2).

Продолжают дело своих учителей сегодняшние кураторы косточковых культур – **Светлана Юрьевна Орлова** и **Ольга Емельяновна Радченко**, занимаясь вопросами мобилизации новых генотипов, изучения устойчивости к изменяющимся климатическим условиям, выявления наследственного потенциала вверенного им генофонда косточковых культур.

Ягодные культуры

Сбор, изучение и сохранение коллекций ягодных культур на экспериментальной базе «Красный пахарь» (г. Павловск) связано с именем **Марии Александровны Розановой**, являющейся фактически основоположником экспериментальной систематики растений, сортоизучения (Bologovskaya et al., 1936; Chuksanova, 2025). Под ее руководством впервые у нас в стране были осуществлены исследования географического распространения полиплоидных форм и видов малины. Мария Александровна изучала происхождение малины сибирской в связи с автополиплоидией, исследовала микроспорогенез различных образцов малины из Приуралья и Саян. В период ее руководства секцией ягодных культур ВИР решались вопросы по привлечению и освоению мирового ассортимента и выделению перспективных сортов, изучению природных богатств для дальнейшего использования и выведения новых сортов. Изучая род *Rubus* L., она экспериментально, путем амфиполиплоидии, осуществила синтез видов серии *Sub-Idaei*. Она же получила путем гибридизации с последующим удвоением хромосом гибриды между малиной и ежевикой.

В отделе трудилась **Римма Петровна Бологовская** – помолог малины и ежевики (Kormanovskaya, 2025). Именно ею опубликованы итоги изучения всего видового разнообразия рода *Rubus* в XVI томе «Культурной флоры СССР» (Bologovskaya et al., 1936). Римма Петровна разработала новую классификацию видов рода *Rubus*, выделила наиболее адаптивный сортимент культуры. Наряду с основной культурой, интересы Бологовской распространились на малораспространенную культуру – актинидию. За время работы ею было опубликовано 25 научных статей и книг. Она до последних дней работала в институте.

Ниней Михайловной Павловой в годы работы и руководства отделом были созданы коллекции смородины черной и крыжовника (Vitkovsky, 2025c). Она организовала широкое привлечение сортов этих культур из разных стран мира, а также сбор сортов и форм дикорастущих растений смородины черной по территории СССР. Нина Михайловна – автор монографии «Черная смородина» (Pavlova, 1955), где она привела историю изучения дикорастущей смородины, критически рассмотрела имеющуюся классификацию (Bologovskaya et al., 1936). Рассматривая формы смородины черной, показала наличие широкой изменчивости ее вегетативных и генеративных органов. На основе изучения природных ягодников Павлова доказала, что дикорастущие формы смородины черной могут быть ценным источником для селекции и могут решить основные проблемы культуры, особенно проблему иммунитета, а также указала на перспективу скрещивания географически удаленных форм. Она – выдающийся морфолог, систематик, селекционер, исследователь, творчески ищущий новые пути и методы изучения биологии растений. Так же она известна как талантливый детский писатель, член Союза писателей СССР.

Евгений Владимирович Мажоров изучал происхождение сортов, особенности их морфологии и биологии, использование генофонда плодовых и ягодных культур в селекции.

Юлия Константиновна Катинская внесла большой вклад в создание и изучение коллекции земляники (Bologovskaya et al., 1936). Активно занималась селекцией этой культуры на повышение урожайности, устойчивости к неблагоприятным условиям среды и товарного качества ягод. Юлия Константиновна является автором сорта 'Фестивальная' (Sedov, 2016).

Екатерина Васильевна Володина всю свою жизнь посвятила всестороннему изучению черной смородины (Tikhonova, 2025). Она по стопам своего учителя – Н. М. Павловой – занималась привлечением в коллекцию дикорастущих форм и видов смородины черной. Екатерина Васильевна является автором более 60 научных и научно-популярных работ. В составе авторского коллектива с сотрудниками ВНИИ селекции плодовых культур (г. Орел) она принимала участие в создании справочного пособия «Определитель сортов смородины» – издания, значимость которого для работающих по культуре трудно переоценить. Она является автором классификаторов родов *Ribes* L. и *Grossularia* (Tourn.) Mill., на основе которых в 1994 г. изданы «Широкий унифицирован-

ный классификатор рода *Ribes* L. подродов *Ribesia* (Berl.) Jancz. и *Eucoreosma* (Jancz.) Berg.» и «Широкий унифицированный классификатор рода *Grossularia* (Tourn.) Mill. (Volodina, Pupkova, 1994; Volodina, Tikhonova, 1994). Екатерина Васильевна активно занималась селекционной работой, она является автором 9 сортов, которые включены в реестр селекционных достижений.

Мария Николаевна Плеханова являлась специалистом в области биологии и систематики жимолости синей, а также ее селекции (Vasileva, 2020). Она была активным участником экспедиционных обследований, и в результате этой работы в коллекцию было привлечено 300 образцов жимолости, что послужило основой уникальной коллекции жимолости из подсекции *Caeruleae*. На основе ревизии данной подсекции Мария Николаевна предложила свою систематику подсекции. Ею разработана оригинальная программа и методика селекции жимолости. Мария Николаевна является автором классификатора рода *Lonicera* L. (Plekhanova, 1988). На ее счету 24 выведенных сорта жимолости. Первый популяризатор жимолости и других новых ягодных культур, она оказывала практическую помощь сельскохозяйственному производству в нашей стране.

После смерти Марии Николаевны коллекцию нетрадиционных культур курировал **Артем Аркадьевич Сорokin**. Параллельно с изучением генофонда жимолости и актинидии, он возглавил отдел плодовых культур. В сложное для отдела время Артем Аркадьевич доказывал необходимость сохранения северного генофонда плодовых культур на Павловской опытной станции ВИР.

В настоящее время кураторами ягодных культур являются **Ольга Анатольевна Тихонова** и **Анастасия Анатольевна Харченко**. Ольга Анатольевна – ученица Е. В. Володиной, ученый, селекционер по черной смородине, ею создано 7 сортов смородины черной. О. А. Тихонова награждена медалями к 300-летию Российской Академии наук (2024 г.) и медалью Минобрнауки России «За безупречный труд и отличие». Анастасия Анатольевна – куратор коллекции земляники, в сфере ее интересов – потенциал дикорастущих видов земляники и возможность их использования в селекционном процессе. Куратор коллекции жимолости, актинидии – **Надежда Геннадьевна Тихонова** – активно пополняет коллекции как дикорастущими формами, так и современным селекционным материалом. При помощи современных молекулярных методов изучает генетическое разнообразие коллекции жимолости.

Декоративные культуры

Тамара Гергардовна Тамберг за годы работы в ВИР, благодаря сбору и формированию, смогла увеличить коллекцию декоративных культур до 5,5 тыс. образцов, причем по некоторым культурам на тот момент она стала ведущей в стране (Vasileva, 2018). Ее научный интерес охватывал вопросы биологии, морфогенеза, ритма развития декоративных культур, их видового и сортового разнообразия. Особый интерес Тамара Гергардовна проявляла к формированию коллекции и углубленному изучению

культуры гладиолуса. Она является автором 10 сортов, два из которых районированы во многих областях. Тамара Гергардовна Тамберг входила в экспертный совет Госкомиссии при Министерстве сельского хозяйства СССР, была членом Пленума Госкомиссии по сортоиспытанию плодовых, ягодных, субтропических и декоративных культур. За свой доблестный труд она была награждена шестью медалями.

Более 55 лет проработала на коллекции декоративных культур **Наталья Алексеевна Петренко** – селекционер, популяризатор декоративных культур. На ее счету 130 опубликованных работ, в том числе 3 монографии, 7 научно-популярных книг, методики изучения отдельных декоративных культур, классификаторы. Она является автором 3 сортов астры однолетней.

В тот же период многолетними декоративными культурами занималась **Марина Юрьевна Васильева**. Сфера ее научной деятельности – пионы, флоксы, нарциссы, астильбы. За время работы Марина Юрьевна привлекла в коллекцию около 100 сортов пиона. Она также принимала участие в научных экспедициях по изучению и сбору дикорастущих и культивируемых растений в районах Горного Алтая (*Phlox* L., *Paeonia* L., *Narcissus* L., *Delphinium* L.).

Сегодня группу декоративных культур сохраняет и изучает куратор коллекции – **Марина Васильевна Васильева**.

Виноград

«Королем» винограда заслуженно считается **Александр Михайлович Негруль**, который разработал теоретические основы селекции вегетативно размножаемых культур, в частности винограда (Alexander Mikhailovich..., 2012; Ryabova, Koshelev, 2025). Александр Михайлович проработал методические и практические вопросы селекции, широкомасштабной и научно обоснованной мобилизации сортовых и видовых ресурсов как исходного материала при селекции. А. М. Негруль занимался вопросами происхождения, эволюции и классификации

культурного винограда, изучения и учета агробиологических и хозяйственно-технологических качеств и свойств винограда. С 1964 года научно-исследовательской работой по винограду в отделе плодовых культур занималась **Нина Ивановна Рябова**. Она активно собирала местные сорта винограда Средней Азии, изучала возможность их использования в селекционном процессе, курировала ампелографические коллекции винограда на филиалах ВИР. Н. И. Рябова – автор классификатора, каталогов по винограду, написала несколько глав для «Культурной флоры».

Елена Федоровна Петрова долгое время занималась организацией и научно-исследовательской работой по группе цитрусовых и субтропических культур. Активно принимала участие в многоэтапных экспедициях по Средней Азии, а также Западного и Восточного Закавказья. На основе всестороннего и углубленного изучения коллекций цитрусовых и субтропических культур Елена Федоровна занималась внедрением в производство выделившихся сортов. Е. Ф. Петрова написала монографию по инжиру в Средней Азии, под ее редакцией вышли каталоги, классификаторы по группе цитрусовых и субтропических культур.

Если в первые десятилетия существования отдела коллекции винограда располагались на «южных» станциях, теперь, благодаря стараниям куратора коллекции **Евгения Николаевича Кислина**, стало возможным заложить коллекцию «северного» винограда в условиях Северо-Западного региона России.

Хочется вспомнить **Николая Васильевича Ковалева**, который очень небольшой период руководил отделом и вместе с тем совмещал заведование с большим объемом работ по организации научных исследований и издательским делом (Turitsyn, 2025). Круг его научных интересов распространялся на систематику, экологию, географию и генетику плодовых культур. В дальнейшем Николай Васильевич переехал на Майкопскую опытную



Рис. 1. Черешня 'Ленинградская Розовая' (фото А. А. Юшева)

Fig. 1. Sweet cherry 'Leningradskaya Rozovaya' (photo by A. A. Yushev)



Рис. 2. Вишня 'Владимирская' (фото С. Ю. Орловой)

Fig. 2. Sour cherry 'Vladimirskaya' (photo by S. Yu. Orlova)

станцию, где продолжил заниматься косточковыми культурами.

Владимир Алексеевич Рыбин вел исследования по вопросам опыления и оплодотворения культурных растений (Rudenko, Lissan, 2025). Его работы посвящены причинам стерильности и фертильности у яблони, он детально изучил ход мейоза и показал нарушения в расхождении хромосом, вызывающие стерильность пыльцы. Результаты его исследований легли в основу по цитогенетике яблони. Владимир Алексеевич осуществил ресинтез сливы домашней (*Prunus domestica*), одним из первых стал использовать колхицин для получения полиплоидных форм растений, возглавил работу по изучению влияния факторов внешней среды на генетические процессы и изменения результатов скрещивания.

В разные годы в отделе собирали, изучали и сохраняли генофонд плодовых культур такие специалисты как А. П. Сигов, И. Д. Шиманович, Н. Е. Шарина, Л. Л. Любимова, Н. Я. Федорова, Е. А. Соколова, Н. А. Пупкова и многие другие ученые-плодоводы.

Экспериментальная база ВИР «Красный Пахарь»

(г. Павловск), созданная в 1926 г., стала основой северных коллекции семечковых культур (яблоня, груша), косточковых (слива, вишня, черемуха) и ягодных культу (земляника, смородина, крыжовник, малина) (Lekhnovich, 1935). Сбор коллекции происходил ускоренным темпом. За первые 7 лет работы сотрудникам отдела удалось собрать коллекцию яблони из 148 образцов, сливы – 57 сортов, вишни и черешни – 18, а к 1935 году численность коллекции уже составила 1759 образцов (рис. 3). Была проведена большая работа по привлечению уже имеющегося в стране сортифта из питомников, опытных станций, а также от садоводов-любителей. Развернута работа по проведению экспедиционных обследований различных регионов страны и зарубежных стран. В это же время в коллекцию привлечены сорта иностранной селекции. На ряду с Павловской опытной станцией (1926) в 20–30-е годы прошлого столетия была создана сеть опытных станций в различных климатических условиях, что позволяло размещать привлеченные образцы в оптимальные для их произрастания условия. Процесс сбора коллекции в 40–50-е годы приостановился, в эти тяжелые годы для страны важно было сохранить то, что осталось после



Рис. 3. Сорта плодовых культур: а) яблоня сорта 'Солнцедар' (автор фото А. В. Шлявас); б) яблоня сорта 'Коричное Новое'; в) слива 'Ренклюд Колхозный' (фото А. А. Юшева); г) слива 'Скороспелка Красная' (фото А. А. Юшева)

Fig. 3. Fruit crop varieties: a) Apple 'Solntsedar' (photo by A. V. Shlyavas); b) Apple 'Korichnoye Novoye'; c) Plum 'Renklod Kolkhozny' (photo by A. A. Yushev); d) Plum 'Skorospelka Krasnaya' (photo by A. A. Yushev)

оккупации. В последующие годы работа по мобилизации, сохранению и изучению была возобновлена и к 90-м годам прошлого столетия достигла своего пика – около 34 тыс. образцов плодовых ягодных, декоративных культур и винограда. С развалом СССР часть опытных станций (Крымская помологическая, Туркменская, Сухумская и Среднеазиатский филиал) вместе с генетическими коллекциями плодовых культур отошли к другим государствам. Потеря южных станций отрицательно сказалась на возможности сохранения и поддержания коллекций субтропических культур и винограда, что привело к значительному сокращению генофонда этих культур (Yushev, 2015).

За 100 лет своей истории сотрудники отдела на НПБ «Пушкинские и Павловские лаборатории ВИР» собрали богатейший генофонд плодовых, ягодных, декоративных культур и винограда. В настоящее время коллекция насчитывает уже 4985 образцов и включает в себя одну из крупнейших в системе ВИР коллекцию ягодных куль-

тур – 1860 образцов. Здесь же с 2018 года формируется коллекция самого северного винограда – 42 образца. Особое место занимает коллекция декоративных культур, которая насчитывает 1741 образец (однолетние и многолетние культуры). Однолетние культуры сохраняются в контролируемых условиях генбанка ВИР. Коллекция многолетних декоративных культур состоит из образцов луковичных культур (523 образца – 78 видов) и корневищных (797 образцов – 35 видов) (рис. 4, 5). Хочется отметить, что коллекция декоративных культур в ВИР была заложена в 30-е годы прошлого столетия, причем одной из первых была заложена коллекция пионов. В 1935 году выдающийся ученый **Николай Иванович Кичунов** выписал из Франции 70 сортов *Paeonia officinalis* L., 30 из которых сохраняются в коллекции до сегодняшнего дня. В настоящее время коллекция ВИР насчитывает 176 образцов травянистых пионов, из которых 5 образцов – дикие виды и 171 образец – культурные сорта (Vasileva, 2022).

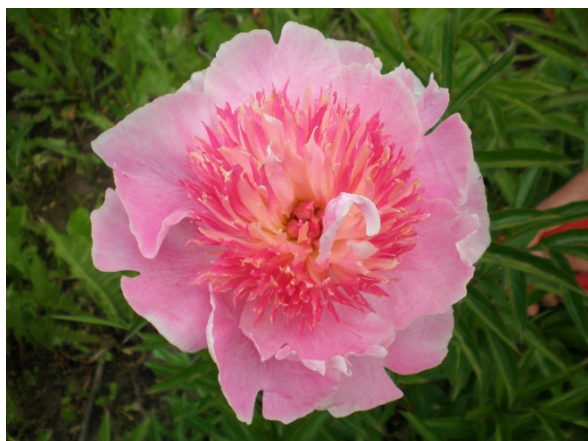


Рис. 4. Пион 'Жемчужная Россыпь'
(автор фото М. В. Васильева)

Fig.4. Peony 'Zhemchuzhnaya Rossyp'
(photo by M. V. Vasilyeva)

В настоящее время коллекция плодовых, ягодных культур и винограда поддерживается на семи опытных станциях ВИР: Полярная (ягодные, декоративные культуры), Крымская ОСС (косточковые, семечковые, ягодные, виноград), Майкопская (семечковые, косточковые, ягодные и орехоплодные), Волгоградская (семечковые), Дагестанская (виноград), Адлерская (семечковые, ягодные, субтропические), Дальневосточная (виноград, косточковые, ягодные), научно-производственной базе «Пушкинские и Павловские лаборатории ВИР (семечковые, косточковые, декоративные, ягодные, виноград), Камчатском НИИСХ – филиале ВИР (ягодные, семечковые), и Сахалинском НИИСХ – филиале ВИР (ягодные, косточковые).

По данным 2025 г., генофонд коллекций, сохраняемых на опытных станциях института, научно-производственной базе, в Камчатском и Сахалинском НИИСХ, составил



Рис. 5. Флокс метельчатый. 'Лиловая Мантия'
(автор фото М. В. Васильева)

Fig. 5. Fall phlox 'Lilovaya Mantiya'
(photo by M. V. Vasilyeva)

19 056 образцов, включая семечковые культуры (яблоня, груша, айва, рябина, ирга) – 5229, косточковые культуры (слива, терн, алыча, вишня, черешня, абрикос, персик, черемуха) – 6378, ягодные (земляника, малина, ежевика, смородина черная и красная, крыжовник, жимолость, калина, актинидия) – 3757, орехоплодные – 227, декоративные – 2039, виноград – 1408 и субтропические культуры – 18. Собранный генофонд включает в себя ценные образцы староместных сортов, источники и доноры ценных селекционно-хозяйственных признаков, дикорастущие родичи культурных растений, районированный сортимент. Коллекция плодовых и ягодных культур представлена 101 видом, относящихся к 18 родам и межвидовыми гибридами.

Сотрудники отдела продолжают заложенные Н. И. Вавиловым и его соратниками традиции по пополнению коллекции плодовых, ягодных, декоративных

культур и винограда путем мобилизации новых селекционных достижений, обмена образцами с профильными научными учреждениями, привлечения староместных образцов (Trifonova et al., 2021; Rakhmangulov et al., 2022; Radchenko, Novikova, 2023; Agakhanov et al., 2024; Kharchenko et al., 2024; Orlova, Gorbacheva, 2024; Kharchenko, Novikova, 2025). Ежегодно сотрудники отдела принимают участие в экспедиционных исследованиях в различных регионах нашей страны и странах ближнего Зарубежья (Chukhina, Kharchenko, 2024). В текущем году сотрудники отдела участвовали в экспедициях по Среднему Поволжью и Магаданской области, в результате которых в коллекцию привлечено 119 образцов плодовых и ягодных растений. Собраны дикорастущие родичи ягодных культур (смородины, жимолости, лесных ягодных культур), ценный материал по сортам яблони народной селекции. Совместно с другими отделами и филиалами ВИР отделом созданы и обнародованы номенклатурные стандарты сортов различных культур (Kamnev et al., 2021; Bagmet, Shlyavas, 2021; Tikhonova et al., 2021; Bagmet et al.,

2022; Bagmet, Tikhonova, 2024).

Основными направлениями изучения генофонда садовых культур являются предварительное изучение и комплексное изучение генофонда, выделение источников селекционно ценных признаков, создание доноров, выведение новых сортов. За последние 3 года было изучено 6165 образцов, в результате выделен 401 источник таких ценных признаков, как длительность периода покоя, крупноплодность, урожайность, раннее созревание плодов, устойчивость к болезням и вредителям и т. д.

По результатам изучения опубликованы многочисленные тематические каталоги, научные статьи, разработаны методические рекомендации (рис. 6). Сотрудники отдела принимают активное участие в написании «Помологий», программ по изучению различных плодовых и ягодных культур. Сотрудники отдела вносят большой вклад в популяризацию научной работы, выпуская научно-популярные брошюры для садоводов-любителей и оказывая консультативную помощь фермерам, производителям плодовой и ягодной продукции.



Рис. 6. Сотрудники отдела генетических ресурсов плодовых культур, 2020 г.

Fig. 6. Staff of the Fruit Crop Genetic Resources Department, 2020

В 2022 г. в рамках отдела создана лаборатория генетики, селекции и биотехнологии декоративных и ягодных культур (руководитель – **Руслан Султанович Рахмангулов**), которая уже на современном уровне, используя генетические, биотехнологические методы, изучает генофонд плодовых культур.

Со времени создания и по сегодняшний день отдел генетических ресурсов плодовых культур собирает, сохраняет и изучает мировое разнообразие плодовых, ягодных, декоративных, орехоплодных, субтропических культур и винограда. Использование генофонда генетических ресурсов плодовых культур в различных селекционных

программах позволит обеспечить население страны разнообразным сортиментом качественных и полезных плодов и ягод.

References / Литература

- Agakhanov M.M., Bagmet L.V., Tikhonova N.G., Erastenkova M.V., Kislin E.N., Ukhatoeva Yu.V., Khlestkina E.K. The plant germplasm and herbarium (WIR) collections maintained at VIR as contributors to grape genetic diversity conservation, expansion and utilization. *Proceedings on Applied Botany, Genetics and Breeding*. 2024;185(1):191-211. [in Russian] (Араханов М.М., Багмет Л.В., Тихонова Н.Г., Ерастенкова М.В., Кислин Е.Н., Ухатова Ю.В., Хлесткина Е.К. Коллекция ВИР и гербарий ВИР (WIR) для сохранения, расширения и использования генетического разнообразия винограда. *Труды по прикладной ботанике, генетике и селекции*. 2024;185(1):191-211). DOI: [10.30901/2227-8834-2024-1-191-211](https://doi.org/10.30901/2227-8834-2024-1-191-211)
- Alexander Mikhailovich Negrul: biographical index (Aleksandr Mikhailovich Negrul: biobibliograficheskiy ukazatel'). [A.K. Radzhabov (comp.)]. Moscow: Publishing House of the Russian State Agrarian University - Moscow Timiryazev Agricultural Academy; 2012. [in Russian] (Александр Михайлович Негруль: биобиблиографический указатель / [составитель А.К. Раджабов]. Москва: Изд-во РГАУ-МСХА; 2012).
- Bagmet L.V., Chebotok E.M., Shlyavas A.V. Nomenclatural standards of black currant cultivars bred by Sverdlovsk Horticultural Breeding Station. Part II. *Agricultural Science Euro-North-East*. 2022;23(1):69-80. [in Russian] (Багмет Л.В., Чеботок Е.М., Шлявас А.В. Номенклатурные стандарты сортов чёрной смородины селекции Свердловской селекционной станции садоводства. Часть II. *Аграрная наука Евро-Северо-Востока*. 2022;23(1):69-80). DOI: [10.30766/2072-9081.2022.23.1.69-80](https://doi.org/10.30766/2072-9081.2022.23.1.69-80)
- Bagmet L.V., Shlyavas A.V. Nomenclatural standards of apple cultivars bred at the Pavlovsk experiment station of VIR. *Vavilovia*. 2021;4(1):3-24. [in Russian] (Багмет Л.В., Шлявас А.В. Номенклатурные стандарты сортов яблони селекции Павловской опытной станции ВИР. *Vavilovia*. 2021;4(1):3-24). DOI: [10.30901/2658-3860-2021-1-3-24](https://doi.org/10.30901/2658-3860-2021-1-3-24)
- Bagmet L.V., Tikhonova N.G. Nomenclature standards of actinidia varieties selected by the VIR Pavlovsk Experimental Station. *Agricultural and Livestock Technology*. 2024;7(4). [in Russian] (Багмет Л.В., Тихонова Н.Г. Номенклатурные стандарты сортов актинидии селекции Павловской опытной станции ВИР. *АгроЗооТехника*. 2024;7(4)). DOI: [10.15838/alt.2024.7.4.4](https://doi.org/10.15838/alt.2024.7.4.4)
- Bologovskaya R.P., Katinskaya Yu.K., Pavlova N.M., Rozanova M.A. Flora of cultivated plants. Vol. XVI. Small fruits. Published under the general editorship of N.I. Vavilov; E.V. Wulff (ed.). Moscow, Leningrad: State Agricultural Publishing Company; 1936. [in Russian] (Бологовская Р.П., Катинская Ю.К., Павлова Н.М., Розанова М.А. Культурная флора СССР. Т. XVI. Ягодные / под общ. руководством Н.И. Вавилова; под ред. Е.В. Вульф. Москва, Ленинград: Государственное издательство совхозной и колхозной литературы; 1936).
- Chukhina I.G., Kharchenko A.A. Wild relatives of berry crops in the south of Siberia (based on the results of the collecting mission in 2024). *Vavilovia*. 2024;7(4):27-33. [in Russian] (Чухина И.Г., Харченко А.А. Дикие родичи ягодных культур на юге Сибири (по материалам экспедиции 2024 г.). *Vavilovia*. 2024;7(4):27-33). DOI: [10.30901/2658-3860-2024-4-04](https://doi.org/10.30901/2658-3860-2024-4-04)
- Chuksanova N.A. Rozanova Maria Alexandrovna. In: *Nikolai Ivanovich Vavilov's Associates: Plant Genetic Diversity Researchers*. E.K. Khlestkina (ed.). 3rd revised edition. St. Petersburg: VIR; 2025. p. 453-457. [in Russian] (Чуксанова Н.А. Розанова Мария Александровна. В кн.: *Соратники Николая Ивановича Вавилова: исследователи генофонда растений* / под общ. ред. Е.К. Хлесткиной. 3-е изд., пересмотренное. Санкт-Петербург: ВИР; 2025. С. 453-457).
- Gorina V.M., Richter A.A., Korzin V.V. Development of apricot and cherry plum cultivars to improve their commercial assortment: commemorating the 125th birthday of Dr. Klavdia F. Kostina. *Proceedings on Applied Botany, Genetics and Breeding*. 2025;186(4):269-280. [in Russian] (Горина В.М., Рихтер А.А., Корзин В.В. Создание сортов абрикоса и алычи для совершенствования их промышленного сортимента: к 125-летию со дня рождения Клавдии Федоровны Костиной. *Труды по прикладной ботанике, генетике и селекции*. 2025;186(4):269-280). DOI: [10.30901/2227-8834-2025-4-269-280](https://doi.org/10.30901/2227-8834-2025-4-269-280)
- Kamnev A.M., Yagovtseva N.D., Dunaeva S.E., Gavrilenko T.A., Chukhina I.G. Nomenclatural standards of raspberry cultivars bred in the Altai. *Vavilovia*. 2021;4(2):26-43. [in Russian] (Камнев А.М., Яговцева Н.Д., Дунаева С.Е., Гавриленко Т.А., Чухина И.Г. Номенклатурные стандарты сортов малины Алтайской селекции. *Vavilovia*. 2021;4(2):26-43). DOI: [10.30901/2658-3860-2021-2-26-43](https://doi.org/10.30901/2658-3860-2021-2-26-43)
- Kharchenko A.A., Belevtsova V.I., Chukhina I.G. Strawberry cultivars with *Fragaria orientalis* Losinsk. in their pedigrees. *Proceedings on Applied Botany, Genetics and Breeding*. 2024;185(2):189-200. [in Russian] (Харченко А.А., Белевцова В.И., Чухина И.Г. Сорта земляники с использованием *Fragaria orientalis* Losinsk. *Труды по прикладной ботанике, генетике и селекции*. 2024;185(2):189-200). DOI: [10.30901/2227-8834-2024-2-189-200](https://doi.org/10.30901/2227-8834-2024-2-189-200)
- Kharchenko A.A., Novikova L.Yu. Comparison of winter hardiness components in *Fragaria* L. accessions with different phenorhythmotypes in an artificial climate chamber. *Proceedings on Applied Botany, Genetics and Breeding*. 2025;186(1):121-130. [in Russian] (Харченко А.А., Новикова Л.Ю. Сравнение компонентов зимостойкости образцов рода *Fragaria* L. с разным феноритмотипом в камере искусственного климата. *Труды по прикладной ботанике, генетике и селекции*. 2025;186(1):121-130). DOI: [10.30901/2227-8834-2025-1-121-130](https://doi.org/10.30901/2227-8834-2025-1-121-130)
- Kordon R.J., Smolyaninova L.A., Kharyuzova E.D. Flora of cultivated plants. Vol. XVII. Nuts. Published under the general editorship of N.I. Vavilov; E.V. Wulff (ed.). Moscow, Leningrad: State Agricultural Publishing Company; 1936. [in Russian] (Кордон Р.Я., Смольянинова Л.А., Харьузова Е.Д. Культурная флора СССР. Т. XVII. Орехоплодные / под общ. руководством Н.И. Вавилова; под ред. Е.В. Вульф. Москва, Ленинград: Государственное издательство совхозной и колхозной литературы; 1936).
- Kormanovskaya V.V. Bologovskaya Rimma Petrovna. In: *Nikolai Ivanovich Vavilov's Associates: Plant Genetic Diversity Researchers*. E.K. Khlestkina (ed.). 3rd revised edition. St. Petersburg: VIR; 2025. p.59-61. [in Russian] (Кормановская В.В. Бологовская Римма Петровна. В кн.: *Соратники Николая Ивановича Вавилова: исследователи генофонда растений* / под общ. ред. Е.К. Хлесткиной. 3-е изд., пересмотренное. Санкт-Петербург: ВИР; 2025. С.59-61).
- Kryukov F.A. Plum (Sliva). Leningrad; 1931. [in Russian] (Крюков Ф.А. Слива. Ленинград; 1931).
- Kryukov F.A. Plum (Sliva). Moscow; Leningrad: Selkhozgiz, 1949. [in Russian] (Крюков Ф.А. Слива. Москва; Ленинград: Сельхозгиз, 1949).
- Lekhnovich V.S. "Krasny Pakhar" (overview) ("Krasny Pakhar" [obshchiy ocherk]). In: *Krasny Pakhar. VIR's Northern Experiment Base (Krasny Pakhar. Severnaya eksperimentalnaya baza VIR)*. Leningrad; Moscow; 1935. p. 7-13. [in Russian] (Лехнович В.С. «Красный Пахарь» (Общий очерк). В кн.: *Красный Пахарь. Северная экспериментальная база ВИР*. Ленинград; Москва; 1935. С. 7-13).
- Likhonov F.D., Tuz A.S., Lobachev A.Ya. Flora of cultivated plants. Vol. XIV. Pome fruits (apple, pear, quince). Published under the general editorship of D.D. Brezhnev; V.L. Vitkovsky, O.N. Korovina (eds vol.). Moscow: Kolos; 1983. [in Russian] (Лихонов Ф.Д., Туз А.С., Лобачев А.Я. Флора культурных растений. Т. XIV. Плодовые (яблоко, груша, айва) / под общ. руководством Д.Д. Брежнева; ред. т.: В.Л. Витковский, О.Н. Коровина. Москва: Колос; 1983).
- Orlova S.Yu., Gorbacheva N.N. Studying sweet cherry varieties (*Cerasus Avium* (L.) Moench) in the North-West of Russia. *News of the St. Petersburg State Agrarian University*. 2024;76(2):40-50. [in Russian] (Орлова С.Ю., Горбачева Н.Н. Изучение сортов черешни (*Cerasus avium* (L.) Moench) в условиях Северо-Запада РФ. *Известия Санкт-Петербургского государственного аграрного университета*. 2024;76(2):40-50). DOI: [10.24411/2078-1318-2024-2-40-50](https://doi.org/10.24411/2078-1318-2024-2-40-50)
- Pavlova N.M. Black currant (Chernaya smorodina). Moscow; Leningrad: Selkhozgiz; 1955. [in Russian] (Павлова Н.М. Черная смородина. Москва; Ленинград: Сельхозгиз; 1955).
- Plekhanova M.N. (comp.). List of descriptors for the genus *Lonicera* subsection *Caeruleae* Rehd. (Honeysuckle) (Klassifikator roda *Lonicera* podsektzii *Caeruleae* Rehd.). Leningrad: VIR, 1988. [in Russian] (Плеханова М.Н. Классификатор рода *Lonicera*

- подсекции *Caeruleae* Rehd. (Жимолость) / составитель М.Н. Плеханова. Ленинград: ВИР, 1988).
- Plekhanova M.N. On the scientific activities of V.L. Vitkovsky (celebrating his 75th birthday) (O nauchnoy deyatel'nosti V.L. Vitkovskogo [k 75-letiyu so dnya rozhdeniya]). In: *Vsevolod Leonidovich Vitkovsky*. St. Petersburg: VIR; 2003. p. 4-8. [in Russian] (Плеханова М.Н. О научной деятельности В.Л. Витковского (к 75-летию со дня рождения). В кн.: Всеволод Леонидович Витковский. Санкт-Петербург: ВИР; 2003. С. 4-8).
- Ponomarenko V.V. Likhonos Fyodor Dmitrievich. In: *Nikolai Ivanovich Vavilov's Associates: Plant Genetic Diversity Researchers*. E.K. Khlestkina (ed.). 3rd revised edition. St. Petersburg: VIR; 2025. p.320-322. [in Russian] (Пономаренко В.В. Лихонос Федор Дмитриевич. В кн.: *Сотрудники Николая Ивановича Вавилова: исследователи генофонда растений* / под общ. ред. Е.К. Хлесткиной. 3-е изд., пересмотренное. Санкт-Петербург: ВИР; 2025. С.320-322).
- Ponomarenko V.V., Shlyavas A.V. (comp.). Fyodor Dmitrievich Likhonos. V.V. Ponomarenko (ed.). St. Petersburg: VIR; 2007. [in Russian] (Федор Дмитриевич Лихонос / составители: В.В. Пономаренко, А.В. Шлявас; под ред. В.В. Пономаренко. Санкт-Петербург: ВИР; 2007).
- Radchenko O.E., Novikova L.Yu. Biological features of the vegetative and flowering phenophase onsets among diploid plum species in Northwestern Russia. *Proceedings on Applied Botany, Genetics and Breeding*. 2023;184(2):101-111. [in Russian] (Радченко О.Е., Новикова Л.Ю. Биологические особенности фенологических фаз «начало вегетации» и «начало цветения» у диплоидных видов сливы в условиях Северо-Запада России. *Труды по прикладной ботанике, генетике и селекции*. 2023;184(2):101-111). DOI: [10.30901/2227-8834-2023-2-101-111](https://doi.org/10.30901/2227-8834-2023-2-101-111)
- Rakhmangulov R.S., Barabanov I.V., Erastenkova M.V., Ivanov A.A., Kovalenko T.V., Mezhdina K.M., Petrosyan I.A., Kharchenko A.A., Shaimardanov D.Yu., Shaimardanova E.Kh., Anisimova I.N., Tikhonova N.G., Ukhatova Yu.V., Khlestkina E.K. The new directions in genetics, breeding and biotechnology of ornamental and berry crops in the N.I. Vavilov Institute of Plant Genetic Resources (VIR). *Plant Biotechnology and Breeding*. 2022;5(4):65-78. [in Russian] (Рахмангулов Р.С., Барабанов И.В., Ерастенкова М.В., Иванов А.А., Коваленко Т.М., Межина К.М., Петросян И.А., Харченко А.А., Шаймарданов Д.Ю., Шаймарданова Э.Х., Анисимова И.Н., Тихонова Н.Г., Ухатова Ю.В., Хлесткина Е.К. Новые направления в генетике, селекции, биотехнологии декоративных и ягодных культур в ВИР им. Н.И. Вавилова. *Биотехнология и селекция растений*. 2022;5(4):65-78). DOI: [10.30901/2658-6266-2022-4-03](https://doi.org/10.30901/2658-6266-2022-4-03)
- Rudenko I.S., Lissan T.K. Rybin Vladimir Alekseevich. In: *Nikolai Ivanovich Vavilov's Associates: Plant Genetic Diversity Researchers*. E.K. Khlestkina (ed.). 3rd revised edition. St. Petersburg: VIR; 2025. p.462-465. [in Russian] (Руденко И.С., Лассан Т.К. Рыбин Владимир Алексеевич. В кн.: *Сотрудники Николая Ивановича Вавилова: исследователи генофонда растений* / под общ. ред. Е.К. Хлесткиной. 3-е изд., пересмотренное. Санкт-Петербург: ВИР; 2025. С.462-465).
- Ryabova N.I., Koshelev P.P. Negrul Alexander Mikhailovich. In: *Nikolai Ivanovich Vavilov's Associates: Plant Genetic Diversity Researchers*. E.K. Khlestkina (ed.). 3rd revised edition. St. Petersburg: VIR; 2025. p.378-382. [in Russian] (Рябова Н.И., Кошелев П.П. Негруль Александр Михайлович. В кн.: *Сотрудники Николая Ивановича Вавилова: исследователи генофонда растений* / под общ. ред. Е.К. Хлесткиной. 3-е изд., пересмотренное. Санкт-Петербург: ВИР; 2025. С.378-382).
- Sedov E.N. (ed.). Horticultural scientists of Russia. Brief biographical references. (Sadovody-uchenye Rossii. Kratkiy biograficheskiy spravochnik). 2nd ed. Orel: VNIISPК; 2016. [in Russian] (Садоводы-ученые России. Краткий биографический справочник / под ред. Е.Н. Седова. 2-е изд. Орел: ВНИИСПК; 2016).
- Shlyavas A.V. Rudolf J. Kordon: in memory of the chief custodian of VIR's seed collection during the Great Patriotic War. *Proceedings on Applied Botany, Genetics and Breeding*. 2025;186(2):240-245. [in Russian] (Шлявас А.В. Кордон Рудольф Янович: памяти главного хранителя коллекции семян ВИР во время Великой Отечественной войны. *Труды по прикладной ботанике, генетике и селекции*. 2025;186(2):240-245). DOI: [10.30901/2227-8834-2025-2-240-245](https://doi.org/10.30901/2227-8834-2025-2-240-245)
- Shlyavas A.V. Vasily Vasilyevich Pashkevich. St. Petersburg: VIR; 2018. [in Russian] (Шлявас А.В. Василий Васильевич Пашкевич. Санкт-Петербург: ВИР; 2018).
- Shlyavas A.V., Mezhdina K.M. The fate and path of the scientific life: on the 110th anniversary of the birth of Yakov Stepanovich Nesterov. *Vavilovia*. 2025;8(2):23-32. [in Russian] (Шлявас А.В., Межина К.М. Судьба и траектория научного пути: к 110-летию со дня рождения Якова Степановича Нестерова. *Vavilovia*. 2025;8(2):23-32). DOI: [10.30901/2658-3860-2025-2-03](https://doi.org/10.30901/2658-3860-2025-2-03)
- Tarasenko G.G. Apple (Yablonya). Leningrad: Selkhozgiz; 1941. [in Russian] (Тарасенко Г.Г. Яблоня. Ленинград: Сельхозгиз; 1941).
- Tikhonova O.A. Ekaterina V. Volodina (1925–2015): a dedication to her 100th birthday. *Proceedings on Applied Botany, Genetics and Breeding*. 2025;186(2):228-239. [in Russian] (Тихонова О.А. Володина Екатерина Васильевна (1925–2015): к 100-летию со дня рождения. *Труды по прикладной ботанике, генетике и селекции*. 2025;186(2):228-239). DOI: [10.30901/2227-8834-2025-2-228-239](https://doi.org/10.30901/2227-8834-2025-2-228-239)
- Tikhonova O.A., Shablyuk N.O., Gavrilenko T.A., Dunaeva S.E., Talovina G.V. Nomenclatural standards of black currant cultivars bred at VIR. *Vavilovia*. 2021;4(2):3-25. [in Russian] (Тихонова О.А., Шаблюк Н.О., Гавриленко Т.А., Дунаева С.Е., Таловина Г.В. Номенклатурные стандарты сортов чёрной смородины селекции ВИР. *Vavilovia*. 2021;4(2):3-25). DOI: [10.30901/2658-3860-2021-2-3-25](https://doi.org/10.30901/2658-3860-2021-2-3-25)
- Trifonova A.A., Dedova L.V., Boris K.V., Kudryavtsev A.M., Shlyavas A.V. Genetic Diversity of Old and Local Apple (*Malus × domestica* Borkh.) Cultivars of Volga Region from VIR Collection Inferred from NBS-Profiling. *Russian Journal of Genetics*. 2021;57(6):669-680. DOI: [10.1134/S1022795421060119](https://doi.org/10.1134/S1022795421060119)
- Tupitsyn D.I. Kovalev Nikolay Vasilievich. In: *Nikolai Ivanovich Vavilov's Associates: Plant Genetic Diversity Researchers*. E.K. Khlestkina (ed.). 3rd revised edition. St. Petersburg: VIR; 2025. p.230-232. [in Russian] (Тупицын Д.И. Ковалев Николай Васильевич. В кн.: *Сотрудники Николая Ивановича Вавилова: исследователи генофонда растений* / под общ. ред. Е.К. Хлесткиной. 3-е изд., пересмотренное. Санкт-Петербург: ВИР; 2025. С.230-232).
- Tupitsyn D.I., Ponomarenko V.V., Lissan T.K. Tarasenko Grigory Georgievich. In: *Nikolai Ivanovich Vavilov's Associates: Plant Genetic Diversity Researchers*. E.K. Khlestkina (ed.). 3rd revised edition. St. Petersburg: VIR; 2025. p.511-512. [in Russian] (Тупицын Д.И., Пономаренко В.В., Лассан Т.К. Тарасенко Григорий Георгиевич. В кн.: *Сотрудники Николая Ивановича Вавилова: исследователи генофонда растений* / под общ. ред. Е.К. Хлесткиной. 3-е изд., пересмотренное. Санкт-Петербург: ВИР; 2025. С.511-512).
- Tuz A.S., Koshelev P.P. Rubtsov Grigory Aleksandrovich. In: *Nikolai Ivanovich Vavilov's Associates: Plant Genetic Diversity Researchers*. E.K. Khlestkina (ed.). 3rd revised edition. St. Petersburg: VIR; 2025. p.458-461. [in Russian] (Туз А.С., Кошелев П.П. Рубцов Григорий Александрович. В кн.: *Сотрудники Николая Ивановича Вавилова: исследователи генофонда растений* / под общ. ред. Е.К. Хлесткиной. 3-е изд., пересмотренное. Санкт-Петербург: ВИР; 2025. С.458-461).
- Tuz A.S., Koshelev P.P., Burmistrov L.A. (comp.). Grigory Aleksandrovich Rubtsov. St. Petersburg: VIR; 2007. [in Russian] (Григорий Александрович Рубцов / составители: А.С. Туз, П.П. Кошелев, Л.А. Бурмистров. Санкт-Петербург: ВИР; 2007).
- Ukhatova Yu.V., Shlyavas A.V. Vsevolod L. Vitkovsky (1928–2005): dedication to his 95th birthday. *Proceedings on Applied Botany, Genetics and Breeding*. 2023;184(3):233-239. [in Russian] (Ухатова Ю.В., Шлявас А.В. Витковский Всеволод Леонидович (1928–2005): к 95-летию со дня рождения. *Труды по прикладной ботанике, генетике и селекции*. 2023;184(3):233-239). DOI: [10.30901/2227-8834-2023-3-233-239](https://doi.org/10.30901/2227-8834-2023-3-233-239)
- Vasileva M.V. Maria Nikolaevna Plekhanova (1953–2004). E.A. Sokolova, I.V. Kotelkina (eds.). St. Petersburg: VIR; 2020. [in Russian] (Васильева М.В. Мария Николаевна Плеханова (1953–2004) / под ред. Е.А. Соколовой, И.В. Котелкиной. Санкт-Петербург: ВИР; 2020).
- Vasileva M.V. Tamara Gergardovna Tamberg. St. Petersburg: VIR; 2018. [in Russian] (Васильева М.В. Тамара Гергардовна Тамберг. Санкт-Петербург: ВИР; 2018).
- Vasileva M.V. The genus *Paeonia* L. in the VIR collection. In: *Vavilov International Conference: dedicated to the 135th anniversary of N.I. Vavilov's birth: abstracts of reports; 2022 November*

- 21–25; St. Petersburg, Russia. St. Petersburg: VIR; 2022. p.217–218. [in Russian] (Васильева М.В. Род *Raeonia* L. в коллекции ВИР. В кн.: *V Вавиловская международная конференция: к 135-летию со дня рождения Н.И. Вавилова: тезисы докладов; 21–25 ноября 2022 г.; Санкт-Петербург, Россия*. Санкт-Петербург: ВИР; 2022. С.217–218).
- Vitkovsky V.L. Fruit plants of the world. St. Petersburg; Moscow; Krasnodar: Lan; 2003. [in Russian] (Витковский В.Л. Плодовые растения мира. Санкт-Петербург; Москва; Краснодар: Лань; 2003).
- Vitkovsky V.L. Kryukov Fedor Avksentyevich. In: *Nikolai Ivanovich Vavilov's Associates: Plant Genetic Diversity Researchers*. E.K. Khlestkina (ed.). 3rd revised edition. St. Petersburg: VIR; 2025a. p.270–272. [in Russian] (Витковский В.Л. Крюков Федор Авксентьевич. В кн.: *Соратники Николая Ивановича Вавилова: исследователи генофонда растений / под общ. ред. Е.К. Хлесткиной*. 3-е изд., пересмотренное. Санкт-Петербург: ВИР; 2025a. С.270–272).
- Vitkovsky V.L. Morphogenesis of fruit plants (Morfogenez plodovykh rasteniy). Leningrad: Kolos; 1984. [in Russian] (Витковский В.Л. Морфогенез плодовых растений. Ленинград: Колос; 1984).
- Vitkovsky V.L. Pashkevich Vasiliu Vasilevich. In: *Nikolai Ivanovich Vavilov's Associates: Plant Genetic Diversity Researchers*. E.K. Khlestkina (ed.). 3rd revised edition. St. Petersburg: VIR; 2025b. p.413–416. [in Russian] (Витковский В.Л. Пашкевич Василий Васильевич. В кн.: *Соратники Николая Ивановича Вавилова: исследователи генофонда растений / под общ. ред. Е.К. Хлесткиной*. 3-е изд., пересмотренное. Санкт-Петербург: ВИР; 2025b. С.413–416).
- Vitkovsky V.L. Pavlova Nina Mikhailovna. In: *Nikolai Ivanovich Vavilov's Associates: Plant Genetic Diversity Researchers*. E.K. Khlestkina (ed.). 3rd revised edition. St. Petersburg: VIR; 2025c. p.398–401. [in Russian] (Витковский В.Л. Павлова Нина Михайловна. В кн.: *Соратники Николая Ивановича Вавилова: исследователи генофонда растений / под общ. ред. Е.К. Хлесткиной*. 3-е изд., пересмотренное. Санкт-Петербург: ВИР; 2025c. С.398–401).
- Volodina E.V., Pupkova N.A. A comprehensive unified list of descriptors for the genus *Grossularia* (Tourn.) Mill. – Gooseberry (Shirokiy unifitsirovannyi klassifikator roda *Grossularia* (Tourn.) Mill. – Kryzhovnik). St. Petersburg: VIR; 1994. [in Russian] (Володина Е.В., Пупкова Н.А. Широкий унифицированный Классификатор рода *Grossularia* (Tourn.) Mill. – Крыжовник). Санкт-Петербург: ВИР; 1994).
- Volodina E.V., Tikhonova O.A. A comprehensive unified list of descriptors for the genus *Ribes* of subgenera *Ribesia* (Berl.) Jancz. and *Eucoreosma* (Jancz.) Berg. (Shirokiy unifitsirovannyi klassifikator roda *Ribes* L. podrodov *Ribesia* (Berl.) Jancz. and *Eucoreosma* (Jancz.) Berg.). St. Petersburg: VIR; 1994. [in Russian] (Володина Е.В., Тихонова О.А. Широкий унифицированный классификатор рода *Ribes* L. подродов *Ribesia* (Berl.) Jancz. and *Eucoreosma* (Jancz.) Berg. Санкт-Петербург: ВИР; 1994).
- Vsevolod Leonidovich Vitkovsky. St. Petersburg: VIR; 2003. [in Russian] (Всеволод Леонидович Витковский. Санкт-Петербург: ВИР; 2003).
- Yushev A.A. The 90th Anniversary of the Department of Fruit Crop Genetic Resources at VIR. *Proceedings on Applied Botany, Genetics and Breeding*. 2015;176(4):370–380. [in Russian] (Юшев А.А. Отделу генетических ресурсов плодовых культур ВИР 90 лет. *Труды по прикладной ботанике, генетике и селекции*. 2015;176(4):370–380). DOI: [10.30901/2227-8834-2015-4-370-380](https://doi.org/10.30901/2227-8834-2015-4-370-380)

Информация об авторе

Надежда Геннадьевна Тихонова, кандидат биологических наук, старший научный сотрудник, заведующая, отдел генетических ресурсов плодовых и ягодных культур, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова (ВИР), 190000 Россия, Санкт-Петербург, ул. Большая Морская, 42, 44, n.g.tikhonova@vir.nw.ru, <https://orcid.org/0000-0001-7098-7662>

Information about the author

Nadezhda G. Tikhonova, Cand. Sci. (Biology), Senior Researcher, Head, Department of Fruit Crop Genetic Resources, N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources (VIR), 42, 44, Bolshaya Morskaya Street, St. Petersburg, 190000 Russia, n.g.tikhonova@vir.nw.ru, <https://orcid.org/0000-0001-7098-7662>

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 15.08.2025; одобрена после рецензирования 09.09.2025; принята к публикации 22.09.2025.

The article was submitted on 15.08.2025; approved after reviewing on 09.09.2025; accepted for publication on 22.09.2025.

Краткое сообщение
УДК 575:631.52:633.1(092)



Борис Викторович Ригин: памяти ученого

Посвящается памяти известного российского ученого, доктора биологических наук, профессора, главного научного сотрудника отдела генетики ВИР Бориса Викторовича Ригина (1934-2025). Освещаются основные этапы его биографии и научной деятельности.

Ключевые слова: Б. В. Ригин, ВИР, триба *Triticeae* Dumort., пшеница, рожь, ячмень, частная и сравнительная генетика, селекция растений, признаки, гены

Благодарности: редакция глубоко признательна сотрудникам отдела генетики ВИР доктору биологических наук Е. Е. Радченко и доктору биологических наук И. Н. Анисимовой за помощь в подготовке статьи.

Для цитирования: Борис Викторович Ригин: памяти ученого. *Бюллетень ВИР*. 2025;(246):50-54.

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

Brief communication

Boris Viktorovich Rigin: in memory of the scientist

This is a dedication to the memory of Boris V. Rigin (1934–2025), a renowned Russian scientist, Doctor of Biological Sciences, chief researcher of the Genetics Department of VIR. The mileposts of his biography and scientific activities are highlighted.

Keywords: Boris V. Rigin, VIR, tribe *Triticeae* Dumort., wheat, rye, barley, special and comparative genetics, plant breeding, characters, genes

Acknowledgments: the editors are deeply grateful to Dr. E. E. Radchenko and Dr. I. N. Anisimova from the Genetics Department of VIR for their kind assistance in preparing this dedication.

For citation: Boris Viktorovich Rigin: in memory of the scientist. *VIR Bulletin*. 2025;(246):50-54. (In Russ.).

© N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources, 2025

8 сентября 2025 года на 91-м году жизни скончался Борис Викторович Ригин, доктор биологических наук, профессор, главный научный сотрудник отдела генетики Федерального исследовательского центра Всероссийского института генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова (ВИР) (The successor to Vavilov..., 2025). Б. В. Ригин – признанный специалист в области отдален-

ной гибридизации и частной генетики культурных злаков.

Борис Викторович Ригин – яркий представитель поколения ученых, которые внесли неоценимый вклад в возрождение генетических исследований в ВИР в 1960-х гг. и обеспечили преемственность идей Н. И. Вавилова и Г. Д. Карпеченко в области генетики культурных растений в последующие годы (Goncharov et al., 2020).



Б. В. Ригин родился 31 декабря 1934 г. в семье служащего. Отец, Ригин Виктор Николаевич (1906 г. рождения, Вологда), работал на заводе «Красный гвоздильщик» в должности инженера-экономиста. Умер во время блокады Ленинграда в 1942 г. В последний год своей жизни отец Бориса Ригина находился в отрядах народного ополчения. Мать, Ригина Валентина Васильевна (1912 г. рождения, Псков), работала в ЦКП п/я 352 в должности конструктора. Во время войны, с 1941 г., Борис Ригин вместе с матерью был эвакуирован в город Шарья Костромской области, где окончил два класса начальной школы.

В 1946 г. вместе с матерью возвратился в родной Ленинград и в 1953 г. окончил десять классов средней школы. В 1953 г. поступил в Ленинградский сельскохозяйственный институт (ЛСХИ), который окончил в июне 1958 г. по специальности «Агрономия» с присвоением квалификации «ученый агроном». В этом же году, 9 июня 1958 г., поступил на работу во Всесоюзный институт растениеводства (ВИР) в группу овощных культур на должность младшего научного сотрудника, затем 1 ноября 1958 г. в этой же должности был переведен в Пушкинские лаборатории ВИР, в лабораторию генетики и анатомии.

Ригину был поручен раздел работ, связанных с изучением влияния ионизирующих излучений на растения. До 1 ноября 1973 г. Б. В. Ригин занимал должность младшего научного сотрудника отдела генетики ВИР.

В начале 60-х гг. Ригин вел активную экспериментальную работу по отдаленной гибридизации пшеницы. В 1961 г. поступил в заочную аспирантуру ВИР по специальности «Генетика растений», которую без отрыва от производства окончил в 1965 г. По данным экспериментальных исследований в 1965 г. Борис Викторович защитил диссертацию на соискание ученой степени кандидата биологических наук по теме «Скрещиваемость пшеницы с культурной рожью» (Rigin, 1965).

Решением Высшей аттестационной комиссии (ВАК) в 1976 г. Б. В. Ригину было присвоено ученое звание старшего научного сотрудника.

В 1986 г. Б. В. Ригин защитил докторскую диссертацию на тему «Генетические основы и перспективы гибридизации *Triticum* L. x *Secale* L.» по специальности «Генетика» (Rigin, 1986). 22 мая 1987 г. решением ВАК Ригину Борису Викторовичу была присуждена ученая степень доктора биологических наук.

С 1988 по 2005 г. Борис Викторович занимал должность заведующего отделом генетики ВИР, с 2005 г. Ригин – главный научный сотрудник отдела генетики.

В 1990 г. ВАК присвоил Б. В. Ригину ученое звание профессора по специальности «Генетика».

Борис Викторович Ригин широко известен своими фундаментальными и прикладными исследованиями в области частной и сравнительной генетики возделываемых злаков. Он исследовал закономерности гибридизации пшеницы с рожью, им выявлена генетическая система, определяющая различия по скрещиваемости различных образцов *T. aestivum* L. с *Secale cereale* L. Б. В. Ригин сформулировал гипотезу о наличии параллелизма скрещиваемости различных генотипов мягкой пшеницы, на основе которой оценена роль генов *Kr* в процессах дивергенции родов трибы *Triticeae* Dumort. (Rigin, 1965). Б. В. Ригин разработал генетические основы интрогрессии генов ржи, контролирующих адаптивно важные признаки, в геном пшеницы, внес весомый вклад в изучение проблем сравнительной генетики злаков, изучил возможности использования генетического потенциала ржи в селекции пшеницы и тритикале (Rigin, 1986).

Б. В. Ригиным и его учениками выполнены оригинальные исследования генетического разнообразия пшеницы и ячменя по устойчивости к экстремальным засоленности почвы, высокому содержанию токсичных ионов водорода, алюминия, марганца и других ионов тяжелых металлов (Rigin, Yakovleva, 2006).

В сфере научных интересов Б. В. Ригина в течение многих лет особое место занимали проблемы генетики типа и скорости развития злаков как наиболее значимых адаптивно ценных признаков. Им были выполнены работы по генетическому анализу признаков скорости развития и реакции на фотопериод видов рода *Triticum* L., определена природа пшениц-двуручек (Rigin, Zveinek, 1985; Rigin et al., 1994; Rigin, Pyzhenkova, 2011). Б. В. Ригиным и коллегами в отделе генетики ВИР создан и всесторонне охарактеризован уникальный, не имеющий

аналогов генетический материал – ультраскороспелые, перспективные для использования в качестве доноров скороспелости линии Фори от скрещивания ультраскороспелых образцов Рико (к-65588), Римакс (к-67257), а также линии Рифор, полученные от скрещивания Рико с Forlani Roberto (к-42641). С помощью молекулярных маркеров определены генотипы этих линий по аллелям генов *Vrn* и *Ppd* (Rigin et al., 2019, 2021a, 2021b). Важным итогом теоретических и прикладных исследований, выполненных Борисом Викторовичем в последние годы жизни, стал вывод о возможности создания рекомбинантных форм яровой мягкой пшеницы, сочетающих ультраскороспелость и сравнительно высокую продуктивность (Rigin et al., 2022, 2025).

Борис Викторович Ригин – автор и соавтор свыше 110 научных публикаций. Под его руководством защищено 10 кандидатских диссертаций, в двух докторских диссертациях он был научным консультантом. Ригин был членом Совета по генетике Российской академии сельскохозяйственных наук (РАСХН) и членом специализированных диссертационных советов по присуждению ученых степеней кандидатов и докторов наук.

Б. В. Ригин принимал активное участие в работе научных журналов, долгое время был членом редколлегии старейшего отечественного журнала «Труды по прикладной ботанике, генетике и селекции» (<https://elpub.vir.nw.ru/>).

В 1985 г. Б. В. Ригин решением Президиума Верховного Совета СССР награжден медалью «Ветеран труда», в 2003 г. – медалью «В память 300-летия Санкт-Петербурга». Он отмечен почетными грамотами Российской академии сельскохозяйственных наук и дирекции ВИР. В соответствии с Указом Президента РФ «О мерах по материальной поддержке ученых России» № 1372 и постановления Президиума РАН в течение 1997–2003 гг. получал государственную научную стипендию.

В 2025 г. Борис Викторовичу присуждено звание Почетного профессора ВИР.



Коллектив ВИР, редакция журнала «Бюллетень ВИР» выражают глубокие и искренние соболезнования родным и близким Бориса Викторовича. Светлая память о нем навсегда останется в сердцах коллег и учеников!

References / Литература

- Goncharov N.P., Anisimova I.N., Radchenko E.E. Boris V. Rigin 85th anniversary. *Letters to Vavilov Journal of Genetics and Breeding*. 2020;6(1):40-48. [in Russian] (Гончаров Н.П., Анисимова И.Н., Радченко Е.Е. Борису Викторовичу Ригину 85 лет. *Письма в Вавиловский журнал генетики и селекции*. 2020;6(1):40-48). DOI: [10.18699/Letters2020-6-06](https://doi.org/10.18699/Letters2020-6-06)
- Rigin B.V. Genetic foundations and prospects for hybridization of *Triticum* L. × *Secale* L. (Geneticheskiye osnovy i perspektivy gibridizatsii *Triticum* L. × *Secale* L.) [dissertation]. Leningrad, 1986. [in Russian] (Ригин Б.В. Генетические основы и перспективы гибридизации *Triticum* L. × *Secale* L.: дис. ... д-ра биол. наук. Ленинград; 1986).
- Rigin B.V. Interbreeding of wheat with cultivated rye (*Skreshchivayemost pshenitsy s kulturnoy rozhyu*) [dissertation]. Leningrad, 1965. [in Russian] (Ригин Б.В. Скрещиваемость пшеницы с культурной рожью: дис. ... канд. биол. наук. Ленинград; 1965).
- Rigin B.V., Letifova M.S., Repina T.S. Comparative genetics of maturation rate of plant species of genus *Triticum* L. *Russian Journal of Genetics*. 1994;30(10):1326-1333. [in Russian] (Ригин Б.В., Летинова М.С., Репина Т.С. Сравнительная генетика скорости развития растений видов рода *Triticum* L. *Генетика*. 1994;30(10):1326-1333).
- Rigin B.V., Matvienko I.I., Shchedrina Z.A., Brykova A.N., Lyapunova O.A., Zuev E.V. Catalogue of the VIR global collection. Issue 947. Wheat and triticale: Characterization of photoperiodic sensitivity in accessions. B.V. Rigin (ed.). St. Petersburg: VIR; 2025. [in Russian] (Ригин Б.В., Матвиенко И.И., Щедрина З.А., Брыкова А.Н., Ляпунова О.А., Зуев Е.В. Каталог мировой коллекции ВИР. Вып. 947. Пшеница и тритикале: Характеристика образцов по фотопериодической чувствительности / под ред. Б.В. Ригина. Санкт-Петербург: ВИР; 2025).
- Rigin B.V., Pyzhenkova Z.S. Genes that control the reaction to vernalization and earliness *per se* of ultra-ripe forms of spring common wheat (*Triticum aestivum* L.). *Proceedings on Applied Botany, Genetics and Breeding*. 2011;168: 39-49. [in Russian] (Ригин Б.В., Пыженкова З.С. Гены, контролирующие реакцию на яровизацию и скороспелость *per se* ультраскороспелых форм яровой мягкой пшеницы (*Triticum aestivum* L.). *Труды по прикладной ботанике, генетике и селекции*. 2011;168:39-49).
- Rigin B.V., Schreider E.R., Matvienko I.I., Andreeva A.S., Zuev E.V. Donors of ultra-earliness for spring common wheat breeding. *Plant Biotechnology and Breeding*. 2022;5(3):5-14. [in Russian] (Ригин Б.В., Шрейдер Е.Р., Матвиенко И.И., Андреева А.С., Зуев Е.В. Доноры ультраскороспелости в селекции яровой мягкой пшеницы. *Биотехнология и селекция растений*. 2022;5(3):5-14). DOI: [10.30901/2658-6266-2022-3-03](https://doi.org/10.30901/2658-6266-2022-3-03)
- Rigin B.V., Yakovleva O.V. Genetic analysis of toxic aluminum ions tolerance in barley. *Russian Journal of Genetics*. 2006;42(3):385-390. [in Russian] (Ригин Б.В., Яковлева О.В. Генетический анализ устойчивости ячменя к токсичным ионам алюминия. *Генетика*. 2006;42(3):385-390). DOI: [10.1134/S1022795406030100](https://doi.org/10.1134/S1022795406030100)
- Rigin B.V., Zuev E.V., Andreeva A.S., Matvienko I.I., Pyzhenkova Z.S. Comparative analysis of the inheritance of a high development rate in the Rimax and Rico lines of spring bread wheat (*Triticum aestivum* L.). *Proceedings on applied botany, genetics and breeding*. 2021a;182(2):81-88. [in Russian] (Ригин Б.В., Зуев Е.В., Андреева А.С., Матвиенко И.И., Пыженкова З.С. Сравнительный анализ наследования высокой скорости развития линий Римакс и Рико яровой мягкой пшеницы *Triticum aestivum* L. *Труды по прикладной ботанике, генетике и селекции*. 2021a;182(2):81-88. DOI: [10.30901/2227-8834-2021-2-81-88](https://doi.org/10.30901/2227-8834-2021-2-81-88)
- Rigin B.V., Zuev E.V., Andreeva A.S., Pyzhenkova Z.S., Matvienko I.I. The line Rico is the earliest maturing accession in the VIR collection of spring bread wheat. *Proceedings on Applied Botany, Genetics and Breeding*. 2019;180(4):94-98. [in Russian] (Ригин Б.В., Зуев Е.В., Андреева А.С., Пыженкова З.С., Матвиенко И.И. Линия Рико - самая скороспелая среди представителей коллекции яровой мягкой пшеницы ВИР. *Труды по прикладной ботанике, генетике и селекции*. 2019;180(4):94-98). DOI: [10.30901/2227-8834-2019-4-94-98](https://doi.org/10.30901/2227-8834-2019-4-94-98)
- Rigin B.V., Zuev E.V., Matvienko I.I., Andreeva A.S. Molecular labeling of *Vrn*, *Ppd* genes and vernalization response of the ultra-early lines of spring bread wheat *Triticum aestivum* L. *Plant Biotechnology and Breeding*. 2021b;4(3):26-36. [in Russian] (Ригин Б.В., Зуев Е.В., Матвиенко И.И., Андреева А.С. Молекулярное маркирование генов *Vrn*, *Ppd* и реакция на яровизацию ультраскороспелых линий яровой мягкой пшеницы *Triticum aestivum* L. *Биотехнология и селекция растений*. 2021b;4(3):26-36). DOI: [10.30901/2658-6266-2021-3-02](https://doi.org/10.30901/2658-6266-2021-3-02)
- Rigin B.V., Zveinek S.N. Genotypes determining the type of development in two-way soft wheat forms. *Proceedings on Applied Botany, Genetics and Breeding*. 1985;98:34-39. [in Russian] (Ригин Б.В., Звейнек С.Н. Генотипы, обуславливающие тип развития у двуручек мягкой пшеницы. *Труды по прикладной ботанике, генетике и селекции*. 1985;98:34-39).
- The successor to Vavilov and Karpechenko: VIR Honorary Professor Boris Rigin has passed away (Prodolzhatel dela Vavilova i Karpechenko: ne stalo pochetnogo professora VIR Borisa Rigina). *N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources; [website]*. 2025. [in Russian] (Продолжатель дела Вавилова и Карпеченко: не стало почетного профессора ВИР Бориса Ригина. *Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова: [сайт]*. 2025). URL: <https://www.vir.nw.ru/blog/2025/09/09/prodolzhatel-dela-vavilova-i-karpechenko-ne-stalo-pochetnogo-professora-vir-borisa-rigina///>. Дата публикации: 09.09.2025

Статья поступила в редакцию 10.09.2025; одобрена после рецензирования 13.09.2025; принята к публикации 15.09.2025.
The article was submitted on 10.09.2025; approved after reviewing on 13.09.2025; accepted for publication on 15.09.2025.

Журнал основан в 1956 г. / The journal was founded in 1956
Издание возобновлено в 2024 г. / Its publication was restarted in 2024
Периодичность: 4 выпуска в год / Publication frequency: 4 issues a year
Языки: русский, английский / Languages: Russian, English
Открытый доступ к полным текстам / Open access to full texts:
<https://vir-bulletin.ru/>

Сетевое издание (научный журнал) «Бюллетень ВИР» / «VIR Bulletin» – правопреемник научного журнала «Бюллетень Всесоюзного института растениеводства», издаваемого в г. Ленинграде с 1956 г.

До 2003 г. журнал несколько раз менял название: «Бюллетень Всесоюзного ордена Ленина института растениеводства имени Н.И. Вавилова», «Бюллетень Всесоюзного ордена Ленина научно-исследовательского института растениеводства им. Н.И. Вавилова», «Бюллетень Всесоюзного ордена Ленина и ордена Дружбы народов научно-исследовательского института растениеводства им. Н.И. Вавилова» (1968–1982); «Научно-технический бюллетень Всесоюзного ордена Ленина и ордена Дружбы народов научно-исследовательского института растениеводства имени Н.И. Вавилова», «Научно-технический бюллетень Всероссийского научно-исследовательского института растениеводства имени Н.И. Вавилова», «Научно-технический бюллетень Научно-исследовательского института растениеводства имени Н.И. Вавилова», «Научно-технический бюллетень Всероссийского института растениеводства имени Н.И. Вавилова» (1983–1999); Научно-информационный бюллетень Всероссийского научно-исследовательского института растениеводства имени Н.И. Вавилова (2000–2003).

Сетевое издание (научный журнал) «Бюллетень ВИР» / «VIR Bulletin» – это рецензируемое научное периодическое издание открытого доступа (Open Access Journal), не имеющее печатной формы, в котором публикуются оригинальные результаты исследований, обзорные статьи, протоколы и методы в сфере создания, формирования, сохранения, изучения и использования коллекций генетических ресурсов растений на основе современных знаний и методов систематики, генетики, селекции и биотехнологии.

Цель журнала – обеспечение возможности российским и зарубежным ученым, специалистам оперативной публикации результатов научных исследований при условии качественного рецензирования рукописей по основным предметными областям: биологические ресурсы растений, ботаника, генетика, селекция.

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

Прием статей осуществляется через электронную почту редакции virbulletin@vir.nw.ru
За обработку и опубликование материалов средства с авторов не взимаются /
Please send your manuscripts to the editors' email virbulletin@vir.nw.ru
No fee is charged for processing and publication of your manuscripts

*Научные редакторы: д.б.н. Е.А. Соколова
Редактор: к.б.н. И.Г. Чухина, к.б.н. Ю.В. Ухатова, И.В. Котелкина
Переводчики: С.В. Шувалов, А.Г. Крылов
Корректоры: С.В. Шувалов, А.Г. Крылов
Компьютерная верстка: Г.К. Чухин*

Адрес редакции:
Россия, 190000, Санкт-Петербург, ул. Большая Морская, д. 42
Тел.: (812) 314-49-14; e-mail: virbulletin@vir.nw.ru; i.kotielkina@vir.nw.ru

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

Подписано в печать 26.09.2025
Дата выхода в свет 30.09.2025
Формат 70×100¹/₈

Издатель: Федеральное государственное бюджетное научное учреждение
«Федеральный исследовательский центр
Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова» (ВИР)
Издание подготовлено редакционно-издательским сектором ВИР

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

