

Современные возможности маркер-ассоциированной (MAS) селекции *Beta vulgaris* L.

Т.П. ФЕДУЛОВА, д-р биолог. наук

А.А. НАЛБАНДЯН, канд. биолог. наук (e-mail: arpnal@rambler.ru)

ФГБНУ «Всероссийский научно-исследовательский институт сахарной свёклы и сахара имени А.Л. Мазлумова»

Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Всероссийский научно-исследовательский институт сахарной свёклы и сахара имени А.Л. Мазлумова» является ведущим научно-методическим центром по вопросам селекции, семеноводства, биотехнологии, молекулярной генетики и технологии возделывания сахарной свёклы в Российской Федерации. В декабре 2022 г. он будет отмечать свой вековой юбилей. Вот уже 100 лет институт работает в интересах свекловодства Российской Федерации, а также руководителей и специалистов-аграрников использовало его научные разработки и высоко оценило вклад учёных в развитие сельскохозяйственной науки и практики.

Сегодня, несмотря на трудности, учёные целенаправленно и эффективно работают над совершенствованием технологий селекции, семеноводства, возделывания, хранения и переработки сахарной свёклы, созданием гибридов нового поколения на основе постгеномных технологий и уверены, что только опора на науку, внедрение новейших достижений позволит сделать свеклосахарную отрасль конкурентоспособной и высокорентабельной. Основной задачей института

является проведение фундаментальных и прикладных исследований, направленных на разработку новых биотехнологий и методов молекулярной генетики с целью создания исходных перспективных форм с генетически улучшенными характеристиками. Всероссийский НИИ сахарной свёклы и сахара имени А.Л. Мазлумова является ведущим и головным учреждением в России, которое не только создаёт новые высокопродуктивные, устойчивые гибриды сахарной свёклы, но и поддерживает их первичное семеноводство в южных регионах страны, имеет большой практический опыт использования приёмов маркер-ориентированной селекции.

В настоящее время значительных успехов в селекции можно достичь только с использованием инновационных методов молекулярной биологии и биотехнологии, которые позволяют ускорить получение исходного и селекционного материала в 2–3 раза, а время создания гибридов сократить до 6–8 лет вместо 12–15. В связи с этим большое значение имеет знание современных методов молекулярно-генетических исследований, на основе которых можно направленно создавать гибриды с желаемыми признаками и свойствами. Эти методы могут быть использованы для наиболее

полной характеристики исходного материала и получаемых гибридов. Необходимо также знакомство с последними достижениями учёных разных стран в области молекулярной генетики и селекции сахарной свёклы, совместное использование которых могло бы обеспечить максимальный эффект селекционной работы. Такие исследования проводятся во многих странах Европы, Азии, в США. Отличительной чертой этих исследований является кооперация учёных разного профиля в целях решения общих проблем, которая осуществляется на уровне специализированных учреждений и НИИ, а также университетов в пределах одного государства и на межгосударственном уровне. В разных странах созданы коллекции зародышевой плазмы диких и культурных видов и форм свёклы и международные базы данных по собранным коллекционным образцам, используемым при проведении таких исследований, имеется банк генов.

В Российской Федерации сахарная свёкла в молекулярно-генетическом аспекте изучена недостаточно и представляет собой интерес как для фундаментальной науки, так и в практических селекционных целях. В селекции данной культуры важную роль играет целенаправленный отбор исходного материала с желаемыми

признаками и обладающим высоким уровнем разнообразия, чтобы обеспечить успех при создании высокопродуктивных гибридов. Использование селективных ДНК-маркеров для оценки селекционных коллекций способно значительно ускорить процесс выделения перспективных форм для оптимизации подбора пар скрещиваний. В геномах растений и животных широко распространены микросателлитные повторы, которые окружают многие гены и используются как якорные последовательности к этим генам. SSR-метод (Simple Sequence Repeat) является одним из высокоэффективных и надёжных для применения в генетическом анализе [1–4]. На данный момент он широко применяется для изучения генофондов многих видов растений, их картирования и маркирования селекционно ценных признаков [5–7]. Полиморфизм сортов сахарной свёклы и гибридов для оценки устойчивости к абиотическим факторам на молекулярном уровне изучали украинские учёные [8]. Авторы исследовали молекулярный и генетический полиморфизм в генотипах сахарной свёклы, используя RAPD- и SSR-анализы. Кластерный анализ с использованием ДНК-маркеров показал, что термостойкие генотипы сахарной свёклы Ялтушковский МС 72, Украинский МС 70, Украинский МС 72 и Катюша генетически отдалены и, следовательно, могут быть использованы для создания гетерозисных гибридов, устойчивых к засухе.

Иностранцами авторами проведена оценка биоразнообразия видов сахарной свёклы и их диких родственников и установлена связь экологических параметров с новыми генетическими подходами [9]. В данной работе авторы использовали EcoTILLING как молекулярный инструмент для оценки полиморфизмов ДНК

в диких популяциях *Beta* и выявления генов-кандидатов, связанных с засухо- и солеустойчивостью. Рассмотрены вопросы, связанные с секвенированием следующего поколения (NGS) технологии как новым молекулярным инструментом для оценки адаптивных генетических вариаций на диких родственниках сахарной свёклы.

Одним из нежелательных признаков в процессе развития сахарной свёклы является цветущность. Помимо экологических факторов, таких как низкая температура и длинный световой день на начальных этапах развития корнеплода, это явление также обусловлено работой определённого набора генов, комплексно наследуемых и регулирующих переключение жизненного цикла культуры от однолетнего к двулетнему. Перекрестное опыление дикой свёклы *B. maritima* L. с культурной на площадях производства семян может привести к интрогрессии локуса *B*, контролирующего время выхода в стрелку, в двулетние возделываемые гибриды, результатом чего будет засорение гибридов растениями с ранним выходом в стрелку. При этом происходят потери урожая и содержания сахара и возникают проблемы с уборкой. На сегодняшний день установлена чёткая локализация генов *BTCL1*, *BvFT1* и *BvFT2*, на хромосомной карте сахарной свёклы выявлены и описаны SNPs, имеющие решающее значение при регуляции времени выхода в стрелку цветоноса [10–13]. К значительному снижению урожайности корнеплодов, содержания сахара и чистоты его выхода приводят также заболевания сахарной свёклы, вызываемые грибами рода *Fusarium* [14]. У культуры известны устойчивые к *F. oxysporum* линии, но генетическая система, которая контролирует развитие болезни, до сих пор неясна. До настоящего времени не сообщалось о генах-канди-

датах или локусах количественных признаков (QTL) устойчивости к *Fusarium*. Тем не менее в недавних исследованиях с помощью подхода генов-кандидатов было выявлено два аллельных варианта предполагаемых генов устойчивости к *Fusarium oxysporum*. Были идентифицированы две однонуклеотидные замены (SNPs) на 2-й и 7-й хромосомах, которые позволяют на ранних этапах определять условно устойчивые и чувствительные генотипы [15]. В связи с тем, что у растений сахарной свёклы не установлены конкретные гены/локусы, ответственные за устойчивость к фузариозу, исследование толерантности ведётся опосредованно, в частности путём изучения генов кислых хитиназ. Увеличение активности фермента кислой хитиназы (ЕС 3.2.1.14) прямо пропорционально заражению фитопатогенной инфекцией и, возможно, играет основную роль в формировании защиты растений. У *Beta vulgaris* L. выявлены две изоформы кислой хитиназы (соответствующие гены *SE2* и *SP2*). Изоформа *SE2* проявляет высокую экзохитиназную активность, что позволяет успешно гидролизовать хитоолигосахариды. *SE2*, гликолизированная изоформа хитиназы *SP2*, также способствует защите сахарной свёклы от грибной инфекции [16, 17].

Продуктивности свёклы угрожает комплекс вредных организмов, включая нематоды. Некоторые виды галловых нематод рода *Meloidogyne* приводят к корневому угнетению, образованию корневых галлов. Установлено, что гибридам F1 устойчивость передается согласно классической теории наследования, т. е. контролируется работой однокопийного доминантного гена *R6m-1*. Работа данного моногена формирует толерантность к *Meloidogyne* spp., так как вызывает высокий уровень экспрессии защитных белков — ингибиторов протеиназ, которые

разрушают клеточную оболочку растений [18–20].

Значительное отрицательное влияние на растения культуры оказывают и абиотические факторы, такие как засуха, засоление, тяжёлые металлы, кислотность почвы и др. Всё это сказывается на урожайности сахарной свёклы.

Большой успех в решении и понимании проблемы адаптации растений к засолению достигнут с развитием методов молекулярной генетики, что позволило идентифицировать многие гены, активирующиеся при засолении. Выявлено, что в ответ на повышение концентрации NaCl увеличивается уровень экспрессии генов, контролирующих белки семейства NHX-антипортеров, локализованных на клеточной и вакуольной мембранах [21–24]. Тяжёлые металлы, такие как Zn, Cd, Ni, Mn по степени опасности встали в один ряд с пестицидами, двуокисью углерода и серы. В базе данных по *Beta vulgaris* L. описано 9 локусов (аннотированные последовательности) на разных хромосомах, экспрессирующих белки, ответственные за устойчивость сахарной свёклы к тяжёлым металлам (NCBI) [25–27]. Современная селекция практикует выведение и внедрение в производство высокопродуктивных гибридов на ЦМС-основе с высокой степенью раздельноплодности и хорошим качеством семян [28].

Цитоплазматическая мужская стерильность (ЦМС) регулируется деятельностью митохондриальных генов. Механизмы формирования ЦМС у сахарной свёклы, а также конкретные гены, ответственные за этот признак в составе мтДНК, неизвестны, хотя выявлен ряд минисателлитных последовательностей, наличие которых коррелирует с этим признаком [29–32]. В связи с этим выявление полиморфных ДНК-маркеров для молекулярного картирования,

выявления генетического разнообразия исходного материала сахарной свёклы, подбора родительских пар для гибридизации, идентификации генов, сцепленных с признаком цветущности, отбора селекционного материала с генами устойчивости к биотическим (фузариоз, фитогельминтоз) и абиотическим стрессорам (засоление, засуха, тяжёлые металлы) является актуальным направлением исследования.

Приведённый нами краткий обзор мировой литературы по изучению генетической изменчивости, идентификации и паспортизации селекционных достижений, отбору на основе молекулярных маркеров исходных форм с селекционно и хозяйственно ценными признаками весьма своевременный и актуальный в связи с необходимым сокращением сроков создания современных гибридов нового поколения и ускоренным ростом их числа. В ФГБНУ ВНИИСС имени А.Л. Мазлумова также проводятся широкомасштабные исследования по использованию молекулярно-генетических маркеров в селекционном процессе сахарной свёклы.

Для усиления фундаментальной составляющей селекционного процесса и его перевода на новый технологический уровень в 2019 г. в рамках национального проекта «Наука» и Федеральной научнотехнической программы развития генетических технологий на базе лаборатории биохимии и молекулярной биологии была создана лаборатория маркер-ориентированной селекции. Её штат сформирован из числа магистров, аспирантов, инженеров-исследователей и преподавательского состава вузов г. Воронежа. В Российской Федерации это единственная лаборатория, занимающаяся проблемами маркерной селекции сахарной свёклы. Здесь разрабатывается базовая концепция

маркер-ориентированной (MAS) селекции, используемая в практическом селекционном процессе сахарной свёклы. Основная деятельность коллектива направлена на разработку инновационных технологий использования молекулярно-генетических маркеров в селекционном процессе сахарной свёклы. В настоящее время проводятся научно-исследовательские работы по следующим направлениям:

- разработка новых методов маркирования хозяйственно ценных признаков сахарной свёклы с использованием ДНК-технологий;

- создание и внедрение технологий генотипирования образцов сахарной свёклы на основе анализа микросателлитных локусов, позволяющих получать индивидуальные характеристики генотипов – ДНК-профили.

Так, А.С. Хуссейном с коллегами [33] выявлены новые полиморфизмы в гене *VTС1*, контролирующем выход в стрелку в генотипах отечественной и зарубежной селекции, позволившие отобрать источники устойчивости к цветущности. Скрининг регенерантов сахарной свёклы на наличие генов устойчивости к тяжёлым металлам позволил выделить сортообразцы с устойчивостью к данному абиотическому стрессу [34]. Молекулярное типирование образцов сахарной свёклы со специфическими праймерами на локусы устойчивости к фузариозу способствовало отбору ценных источников устойчивости к данному заболеванию [35]. Для создания перспективных гибридов проведена дифференциация и кластеризация сортообразцов по микросателлитным маркерам, позволившая подобрать наиболее ценные родительские формы для гибридизации [36]. Изучение однонуклеотидных замен (SNPs) в гене устойчивости к галловым нематодам способствовало вы-

делению устойчивых генотипов к данному вредителю [37].

Внедрение новейших технологий генотипирования позволяет эффективно осуществлять и сопровождать селекционный процесс, совершенствовать схему идентификации и паспортизации новых селекционных форм, устанавливать подлинность селекционной продукции, защищать авторские права селекционеров. В частности, с их применением проводятся:

– контроль генетической однородности селекционного материала;

– скрининг селекционных материалов на наличие генов устойчивости к биотическим и абиотическим стрессорам;

– изучение молекулярных вариаций данных генов, выявление значимых (nonsynonymous) однонуклеотидных замен (SNP).

ДНК-технологии высоко востребованы в современных селекционно-генетических программах, они обеспечивают получение высококачественного селекционного материала, играют важную роль для создания конкурентоспособных гибридов нового поколения культуры.

На сегодняшний день разработаны:

– методика идентификации и паспортизации селекционных материалов сахарной свёклы по ДНК-маркерам;

– методика целенаправленного подбора родительских пар для гибридизации с учётом их генетической удалённости;

– технология создания гетерозисных гибридов сахарной свёклы, устойчивых к биотическим и абиотическим факторам на основе молекулярной (MAS) селекции (см. схему);

– методика выявления специфических ДНК-маркеров для идентификации фитопатогенов сахарной свёклы;

– методика выявления специфических ДНК-маркеров для молекулярного отбора образцов сахарной свёклы, устойчивых к болезням;

– методика идентификации агрономически важных и вредных почвенных микроорганизмов: *Fusarium oxysporum*, *Pantoea agglomerans*, *Pseudomonas fluorescens*, *Azotobacter* sp. (с идентификацией гена азотфиксации *NifH*), *Bacillus* sp.

Перспективы инновационного развития:

– разработка технологий клонирования генов хозяйственно ценных признаков и приёмов геномного редактирования с целью создания генетически улучшенного исходного материала сахарной свёклы нового поколения, устойчивого к биотическим и абиотическим факторам;

– разработка молекулярных маркеров, сцепленных с агрономически-ценными признаками для маркер-ассоциированной селекции с целью генотипирования и создания новых улучшенных гибридов сахарной свёклы.

Селекционная работа над сахарной свёклой неразрывно связана с всесторонним изучением и испытанием тысяч исходных образцов, десятков присущих им хозяйственно полезных признаков и огромного количества всевозможных комбинаций. Это привело к необходимости широкого использования современных молекулярно-генетических и биотехнологических методов для ускоренного создания гибридов нового поколения, чем и обоснован выбор публикации данного обзора.

Внедрение инновационных ДНК-технологий обеспечит новый уровень сельского хозяйства за счёт разработки и применения в селекционном процессе методов ДНК-диагностики генов, улучшающих качество сельскохозяйственной продукции.

Список литературы

1. Characterisation of sugar beet (*Beta vulgaris* L. ssp. *vulgaris*) varieties using microsatellite markers / M. Smulders, G. Esselink, G. Danny [et al.] // BMC Genetics. – 2010. – № 11. – P. 41.

2. Simko, I. Empirical evaluation of DArT, SNP, and SSR marker-systems for genotyping, clustering, and assigning sugar beet hybrid varieties into populations / I. Simko, I. Eujayl, T.J. van Hintum // Plant Sci. – 2012. – № 184. – P. 54–62.

3. A Simple and Rapid Method for Genomic DNA Extraction and Microsatellite Analysis in Tree Plants / A. Spadoni, S. Sion, S. Gadaleta [et al.] // J. Agr. Sci. Tech. – 2019. – № 21 (5). – P. 1215–1226.

4. Хлесткина, Е.К. Молекулярные маркеры в генетических исследованиях и в селекции / Е.К. Хлесткина // Вавиловский журнал генетики и селекции. – 2013. – № 17:4 (2). – С. 1044–1054.

5. Чесноков, Ю.В. Генетические маркеры: сравнительная классификация молекулярных маркеров / Ю.В. Чесноков // Научно-практический журнал «Овощи России». – 2018. – № 3 (41). – С. 11–15.

6. Mining and Development of Novel SSR Markers Using Next Generation Sequencing (NGS) Data in Plants / S. Taheri, L. Abdullah, M. Yusop [et al.] // Molecules. – 2018. – № 23. – P. 399. doi:10.3390/molecules23020399

7. ДНК-маркеры в растениеводстве / К.Р. Канукова, И.Х. Газаев, Л.К. Сабанчиева [и др.] // Известия Кабардино-Балкарского научного центра РАН. – 2019. – № 6 (92) 220. – С. 221–232.

8. Кляченко, О.Л. Изучение аллельного состояния микросателлитных локусов сахарной свёклы (*Beta vulgaris* L.) / О.Л. Кляченко, Л.М. Присяжнюк // Живые и биокосные системы. – 2014. – № 8 (5).

9. Comparison of three PCR-based assays for SNP genotyping in plants /

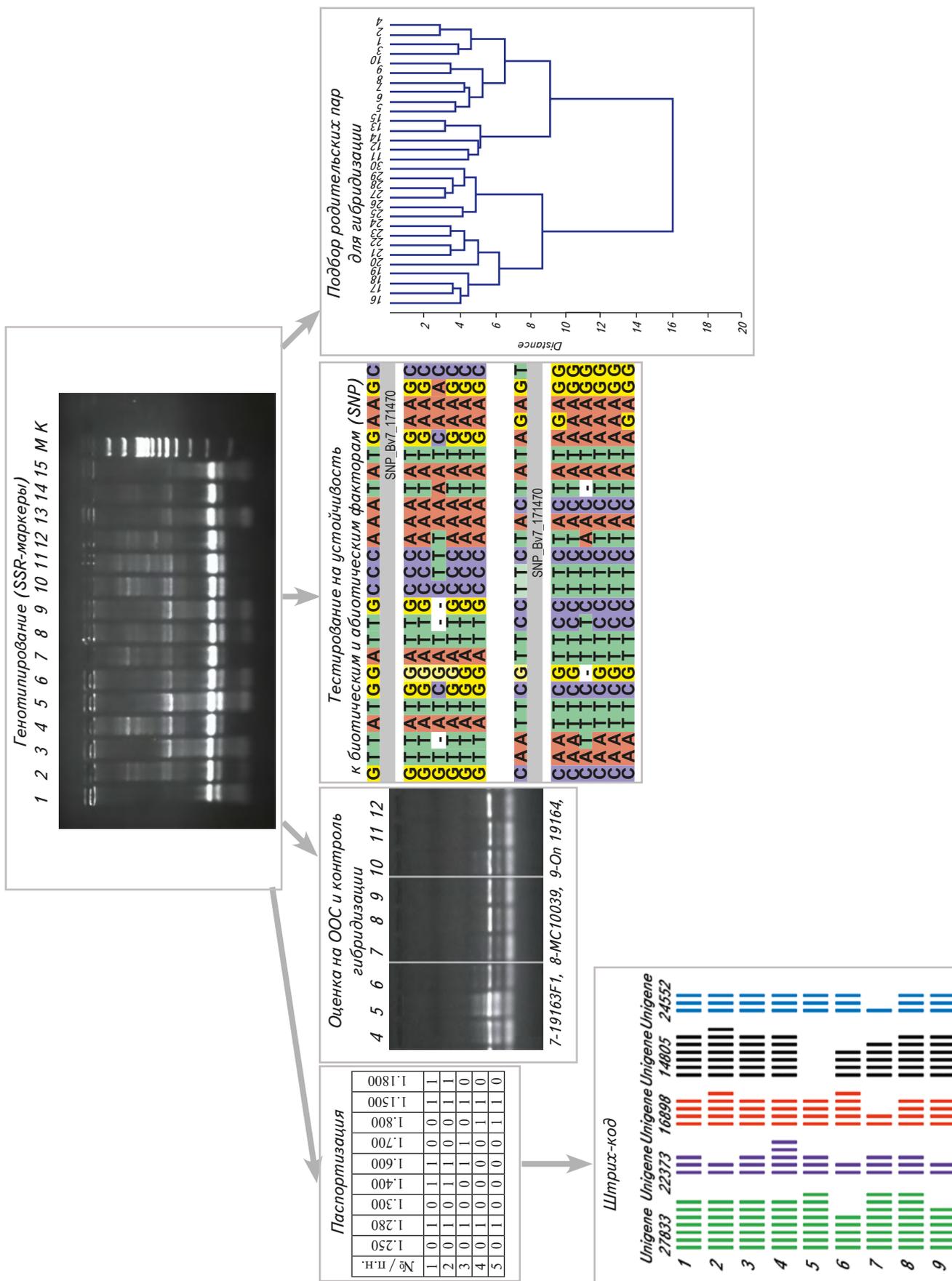


Схема маркер-ориентированной селекции Beta vulgaris L.

- Ch. Broccanello, C. Chiodi, A. Funk [et al.] // *Plant Methods*. – 2018. – № 4. – P. 28.
10. Abegg, F.A. A genetic factor for the annual habit in beets and linkage relationship / F.A. Abegg // *J. Agric. Res.* – 1936. – № 53. – P. 493–511.
11. A detailed analysis of the BR1 locus suggests a new mechanism for bolting after winter in sugar beet (*Beta vulgaris* L.) / C. Tränkner, I.M. Lemnian, N. Emrani [et al.] // *Front. Plant Sci.* – 2016. – № 7. – P. 1662.
12. Highresolution mapping of the bolting gene B of sugar beet / A. El-Mezawy, F. Dreyer, G. Jacobs, C. Jung // *Theoretical and Applied Genetics*. – 2002. – № 105. – P. 100–105.
13. Haplotype Variation of Flowering Time Genes of Sugar Beet and Its Wild Relatives and the Impact on Life Cycle Regimes / N. Höft, N. Dally, M. Hasler, Ch. Jung. – ORIGINAL RESEARCH // *In Plant Science*. – 2018. – № 8. – P. 2211.
14. Root rot symptoms in sugar beet lines caused by *Fusarium oxysporum* f. sp. *Betae* / L. Hanson, De Ch. Lucchi, P. Stevanato [et al.] // *Eur J Plant Pathol.* doi 10.1007/s10658-017-1302-x
15. Molecular markers for improving control of soil-borne pathogen *Fusarium oxysporum* in sugar beet / De Ch. Lucchi, P. Stevanato, L. Hanson [et al.] // *Euphytica*. – 2017. – № 213. – P. 71.
16. Nagpure, A. Chitinases: in agriculture and human healthcare / A. Nagpure, B. Choudhary, R. Gupta // *Critical Reviews in Biotechnology*. – 201. – № 34 (3). – P. 215–232. doi: 10.3109/07388551.2013.790874
17. Two sugar beet chitinase genes, BvSP2 and BvSE2, analysed with SNP Amplifluor-like markers, are highly expressed after *Fusarium* root rot inoculation and field susceptibility trial / R. Yerzhebayeva, A. Abekova, K. Konysbekov [et al.] // *Peer J*. – 2018. – № 6. – P. 2–19.
18. Bakooie, M. Development of an SNP Marker for Sugar Beet Resistance/Susceptible Genotyping to Root-Knot Nematode / M. Bakooie, E. Pourjam, S. Mahmoudi [et al.] // *J. Agr. Sci. Tech.* – 2015. – № 17. – P. 443–454.
19. Ghaemir, R. Molecular insights into the compatible and incompatible interactions between sugar beet and the beet cyst nematode / R. Ghaemir, E. Pourjam, N. Safaie // *BMC Plant Biology*. – 2020. – № 20. – P. 483.
20. Weiland, J. A Cleaved Amplified Polimorphic Sequence (CAPS) Marker Associated with Root-Knot Nematode Resistance in Sugarbeet / J. Weiland, M. Yu // *Crop Sci.* – 2003. – № 43. – P. 1814–1818.
21. Adler, G. The sugar beet gene encoding the sodium/proton exchanger 1 (BvNHX1) is regulated by a MYB transcription factor / G. Adler, E. Blumwald, D. Bar-Zvi // *Planta*. – 2010. – № 232. – P. 187–195.
22. Transcriptome Analysis of Salt-Sensitive and Tolerant Genotypes Reveals Salt-Tolerance Metabolic Pathways in Sugar Beet / G. Gui, L. Chunhua, P. Stevanato [et al.] // *International Journal of Molecular Sciences*. – 2019. – № 20 (23). – P. 5910.
23. Plant NHX cation/proton antiporters / M. Rodríguez-Rosales, F. Gálvez, R. Huertas [et al.] // *Plant Signaling & Behavior*. – 2009. – № 4 (4). – P. 265–276.
24. Transcriptomic and metabolomic analyses reveal mechanisms of adaptation to salinity in which carbon and nitrogen metabolism is altered in sugar beet roots / Liu L., Wang B., Liu D. [et al.] // *BMC Plant Biology*. – 2020. – № 20. – P. 138. doi.org/10.1186/s12870-020-02349-9
25. Characterization of two genes encoding metal tolerance proteins from *Beta vulgaris* subspecies *maritima* that confers manganese tolerance in yeast / I. Erbasol, G. Ozan Bozdog, A. Koc [et al.] // *Biometals Springer*. – 2013. – № 26. – P. 795–804.
26. Roles of plant metal tolerance proteins (MTP) in metal storage and potential use in biofortification strategies / F. Ricachenevsky, P. Menguer, R. Sperotto [et al.] // *Front Plant Sci.* – 2013. – № 4. – P. 144. doi: 10.3389/fpls.2013.00144
27. Viehweger, K. How plants cope with heavy metals / K. Viehweger // *Bot Stud.* – 2014. – № 55. – P. 35. doi: 10.1186/1999-3110-55-35
28. A new molecular marker linked to gene for monogermity in sugar beet (*Beta vulgaris* L.) / R. Amiri, E. Sarafraz, S.A. Sadat noori [et al.] // *Romanian Agricultural Research*. – 2011. – № 28. – P. 95–101.
29. Налбандян, А.А. Скрининг исходных материалов сахарной свёклы на наличие минисателлитных локусов TRs, связанных с ЦМС / Т.П. Федулова, А.А. Налбандян, Т.Н. Дуванова // *Сахар*. – 2022. – № 3. – С. 38–41.
30. Nishizawa, S. Variable number of tandem repeat loci in the mitochondrial genomes of beets / S. Nishizawa, T. Kubo, T. Mikami // *Current Genetics*. – 2000. – № 37. – P. 34–38.
31. Анализ гетероплазматического состояния митохондриальной ДНК фертильных и мужско-стерильных растений сахарной свёклы (*Beta vulgaris*) / А.Г. Брагин, М.К. Иванов, Л.А. Федосеева, Г.М. Дымшиц // *Вавиловский журнал генетики и селекции*. – 2011. – № 15 (3). – С. 585–590.
32. Microhomologies Are Associated with Tandem Duplications and Structural Variation in Plant Mitochondrial Genomes / H. Xia, W. Zhao, Y. Shi [et al.] // *Genome Biol. Evol.* – 2020. – № 12 (11). – P. 1965–1974. doi 10.1093/gbe/evaa/172
33. Новые полиморфизмы в гене *VTС1* сахарной свёклы / А.С. Хуссейн, А.А. Налбандян, Т.П. Федулова [и др.] // *Биотехнология*. – 2020. – № 36 (6). – P. 66–71.
34. Скрининг растений-регенерантов сахарной свёклы на наличие гена устойчивости к тяжёлым

САХАР

SUGAR ■ ZUCKER ■ SUCRE ■ AZUCAR

ISSN 2413-5518
Выходит в свет с 1923 г.

Оформить подписку на журнал «Сахар» в бумажной версии на 2022 г. можно по ссылке: <https://podpiska.pochta.ru>.
Подписная цена с учётом доставки зависит от региона.
Минимальный срок подписки – 1 месяц



Варианты подписки на 2022 г.

1) бумажная версия:
через электронный каталог «Почта России»
по адресу: <https://podpiska.pochta.ru>
(наш индекс П6305)

2) через редакцию (заявка на sahar@saharmag.com)
с доставкой по России «Почтой России»,
цена 1000 р. за 1 месяц, 12000 р/год

3) PDF-версия журнала (подписка через редакцию):
для России, стран ближнего
и дальнего зарубежья – 3000 р. на полугодие;
минимальный срок подписки – 1 месяц, цена 500 р.

Адрес редакции: 121069, Россия, г. Москва, Скатертный пер., д. 8/1, стр. 1.

Тел/факс: +7(495) 690-15-68; +7(985)769-74-01; **e-mail:** sahar@saharmag.com

Бухгалтерия: +7 (495)695-45-67; **e-mail:** buh@saharmag.com; **официальный сайт:** www.saharmag.com

металлам МТР4 / А.С. Хуссейн, Н.Р. Михеева, А.А. Налбандян, Н.Н. Черкасова // Биотехнология. – 2021. – № 37 (4). – С. 14–19.

35. Изучение гена кислой хитиназы *SE2* в генотипах сахарной свёклы / А.А. Налбандян, А.С. Хуссейн, Т.П. Федуллова [и др.] // Agrarная наука. – 2021. – № 348 (4). – С. 88–90.

36. Differentiation of Sugar Beet Varieties Using SSR Markers: A Tool to Create Promising Hybrids / А.А. Налбандян, А.С. Хуссейн, Т.П. Федуллова [et al.] // Russian Agricultural Sciences. – 2020. – № 46 (5). – P. 442–446. doi 10.3103/S1068367420050146

37. Nucleotide substitutions in the resistance gene to root-knot nema-

todes in sugar beet / A.S. Hussein, [et al.] // Agrarian Science. – 2022. – № 355 (1). – P. 110–113.

Аннотация. В статье обобщена основная мировая литературная информация по применению молекулярных маркеров в селекции сахарной свёклы. Представлены новейшие научные данные, что позволит получить более полное представление о современном состоянии молекулярной генетики и селекции сахарной свёклы, необходимое для составления программ их дальнейшего развития. Раскрыты перспективные направления маркер-опосредованной селекции при создании высокопродуктивных гибридов. Представлены результаты экспериментов зарубежных авторов и собственных исследований по выявлению специфических ДНК-маркеров для генотипирования.

Ключевые слова: сахарная свёкла, маркер-опосредованная селекция, гены, молекулярно-генетические маркеры, SNP, SSR.

Summary. In the article, the available world literary information on molecular markers' using in sugar beet breeding has been summarized. The latest scientific data are presented that will allow obtaining a more comprehensive idea of modern state of sugar beet molecular genetics and breeding necessary to work out programs of their further development. Perspective directions of marker-mediated breeding in development of highly productive hybrids have been shown. There are presented the results of foreign authors' experiments and our investigations on revealing specific DNA-markers for genotyping.

Keywords: sugar beet, marker-assisted breeding, genes, molecular-genetic markers, SNP, SSR.