

Обзорная статья
УДК 631.52:635.9
DOI: 10.30901/2658-6266-2022-4-03



Новые направления в генетике, селекции, биотехнологии декоративных и ягодных культур в ВИР им. Н.И. Вавилова

Р. С. Рахмангулов, И. В. Барабанов, М. В. Ерастенкова, А. А. Иванов, Т. М. Коваленко, К. М. Межина, И. А. Петросян, А. А. Харченко, Д. Ю. Шаймарданов, Э. Х. Шаймарданова, И. Н. Анисимова, Н. Г. Тихонова, Ю. В. Ухатова, Е. К. Хлесткина

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

Автор, ответственный за переписку: Руслан Султанович Рахмангулов, r.rakhmangulov@vir.nw.ru

Применение современных методов биотехнологии и молекулярной генетики позволяет выявлять на этапах пребридинга перспективные образцы с заданными хозяйственно-ценными признаками. Успех создания новых сортов растений зависит от наличия уникальных коллекций генетических ресурсов, информации о геномах, возможности культивирования *in vitro* генотипов с высокой регенерационной способностью, а также практических навыков и компетенций в данной области. Одним из передовых методов ускорения селекционного процесса является редактирование генома с помощью системы CRISPR/Cas. Данный метод позволяет эффективно осуществлять модификацию генов с целью получения сортов с заданными признаками. В 2022 году в рамках национального проекта «Наука и университеты» в ВИР открыта новая молодежная лаборатория генетики, селекции, биотехнологии декоративных и ягодных культур; примечательно, что это событие совпало со 135-летием со дня рождения Н.И. Вавилова. Основными направлениями работы лаборатории являются получение линий с заданными свойствами для дальнейшего селекционного процесса, выявление генов-мишеней хозяйственно-ценных признаков для получения новых сортов, линий, гибридов, а также создание протоколов ускоренного размножения безвирусного материала коммерчески востребованных сортов, ориентированных на импортозамещение. В данном обзоре рассмотрены актуальные направления селекции декоративных и ягодных культур: изменение окраски цветка (львиный зев, пион), улучшение аромата цветка (розы), изменение архитектоники (актинидия), повышение устойчивости к стресс-факторам (ежевика, земляника, виноград).

Ключевые слова: ген-мишень, декоративные и ягодные культуры, морозоустойчивость, вкусовые качества ягод, изменение окраски цветка

Благодарности: Статья подготовлена в рамках государственного задания ВИР согласно тематическому плану НИР по теме № FGEM-2022-0011 «Разработка подходов ускоренной селекции для улучшения хозяйственно ценных признаков декоративных и ягодных культур».

Для цитирования: 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

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.

© 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., 2022

Review article

DOI: 10.30901/2658-6266-2022-4-03

The new directions in genetics, breeding and biotechnology of ornamental and berry crops in the N.I. Vavilov Institute of Plant Genetic Resources (VIR)

Ruslan S. Rakhmangulov, Ivan V. Barabanov, Mariya V. Erastenkova, Aleksandr A. Ivanov, Tatyana V. Kovalenko, Ksenya M. Mezhdina, Igor A. Petrosyan, Anastasiya A. Kharchenko, Damir Yu. Shaimardanov, Elza Kh. Shaimardanova, Irina N. Anisimova, Nadezhda G. Tikhonova, Yulia V. Ukhatova, Elena K. Khlestkina

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

Corresponding author: Ruslan S. Rakhmangulov, r.rakhmangulov@vir.nw.ru

The use of modern breeding methods, biotechnology, and molecular genetics makes it possible to identify promising accessions with specified economically important traits at early pre-breeding stages. The success of creating new varieties depends on the availability of unique collections of plant genetic resources, information about genomes, possibility of *in vitro* cultivation with high regenerative capacity, and practical skills and competencies in this area. One of the advanced methods for accelerating the breeding process is genome editing using the CRISPR/Cas system. This method allows the effective modification of genes in order to obtain varieties with desired traits. In 2022, a new youth laboratory of genetics, breeding, biotechnology of ornamental and berry crops was set up at VIR as part of the National Project "Science and Universities". It is noteworthy that this event coincided with the 135th anniversary of the birth of N.I. Vavilov. The work of the laboratory is aimed at obtaining lines with desired properties for the further breeding process; identifying target genes of economically important traits for obtaining new varieties, lines, and hybrids; as well as creating protocols for the accelerated reproduction of virus-free material of commercially demanded varieties oriented towards import substitution. This review discusses current trends in breeding of ornamental and berry crops: e.g., flower color change in snapdragon and peony; flower aroma improvement in rose; architectonics change in actinidia; and increase of resistance to stress factors in blackberries, strawberries, and grapes.

Key words: target gene, ornamental and berry crops, frost resistance, taste qualities of berries, flower color change

Acknowledgments: The article was prepared as part of the Government Assignment to VIR in accordance with the R&D Thematic Plan Topic No. FGEM-2022-0011 «Development of accelerated breeding approaches to improve the economically valuable properties of ornamental and berry crops».

For citation: 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 Russ.). DOI: 10.30901/2658-6266-2022-4-03

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.

© 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., 2022

Введение

Стремительно меняющиеся климатические условия формируют новую парадигму обеспечения продовольственной безопасности государств в целом и селекции сельскохозяйственных растений в частности. Решением данной проблемы стало применение современных методов селекции, биотехнологии, молекулярной генетики, которые дают возможность на ранних этапах выявлять образцы, обладающие ценными хозяйственными и биологическими признаками. Подобный подход позволяет создавать сорта с желаемым набором полезных признаков, адаптированные к конкретной природно-климатической зоне. Однако успех получения нового генотипа с ценными признаками зависит от наличия у конкретного вида растения достоверных сведений о его геноме (референсного генома), возможности культивирования клеток и тканей в условиях *in vitro* и их высокой регенерационной способности, а также от наличия коллекции образцов, представляющих генетическое разнообразие конкретной культуры (Rakhmangulov, Tikhonova, 2021).

Уникальные коллекции генетических ресурсов растений, сохраняемые в ведущих научных учреждениях России, дают возможность эффективно использовать новейшие методы и технологии для создания растений с качественно новыми хозяйственно полезными признаками. Применение современных молекулярно-генетических технологий позволяет увеличить разнообразие полезных признаков возделываемых растений, а также преодолеть ряд ограничений традиционных методов селекции. С недавних пор активно ведутся исследования по улучшению хозяйственно-ценных признаков растений посредством редактирования генома с помощью системы CRISPR/Cas (Khlestkina, Shumny, 2016). С открытием данного метода появилась возможность эффективной модификации генов для улучшения свойств многих видов растений путем направленного мутагенеза. Таким образом стало возможным получение новых сортов растений в течение трех лет, в отличие от 10-15 лет в случае использования традиционных методов селекции (Medvedeva et al., 2012; Kuluev et al., 2017).

В 2022 году в ВИР в рамках национального проекта «Наука и университеты» открыта новая молодежная лаборатория генетики, селекции, биотехнологии декоративных и ягодных культур; примечательно, что это событие совпало со 135-летием со дня рождения Н.И. Вавилова. Целью и приоритетным направлением научных исследований является разработка подходов к ускоренной селекции для улучшения признаков декоративных растений, улучшения качества плодов ягодных культур, выявления генов-мишеней для модификации хозяйственно ценных признаков декоративных и ягодных культур. Исследования направлены на получение линий с заданными свойствами для дальнейшего селекционного процесса, создание протоколов ускоренного размножения безвирусного материала коммерчески востребованных

сортов и сортов декоративных и ягодных культур, полученных современными методами селекции с ориентированием на импортозамещение. В качестве объектов исследования привлечены коллекции генетических ресурсов львиного зева (*Antirrhinum majus* L.), пионов (*Paeonia* L.), роз (*Rosa* L.), флоксов (*Phlox paniculata* L.), актинидии (*Actinidia* Lindl.), ежевики (*Rubus* L.), земляники садовой (*Fragaria × ananassa* Weston) Duchesne ex Rozier), винограда (*Vitis* L.).

ДЕКОРАТИВНЫЕ КУЛЬТУРЫ

На сегодняшний день порядка 95 % отечественного рынка декоративных культур представлены импортными сортами. С учетом современного состояния экономики и перспектив дальнейшего нарушения существующих логистических путей транспортировки продукции актуальность импортозамещения становится все более значимой. Расширение, совершенствование отечественного сортимента, насыщение рынка сортами российской селекции – основная задача селекции декоративных культур в России. Селекционная работа с декоративными культурами направлена на модификацию таких признаков как устойчивость к биотическим и абиотическим факторам среды, аромат, компактность куста, длительность и обильность цветения, уникальная форма и окраска цветка, листьев, стеблей, устойчивость окраски лепестков цветка к выгоранию на солнце (Rakhmangulov, Tikhonova, 2021; Rakhmangulov, 2022). Ниже мы рассмотрим перспективные направления исследований по созданию новых линий ряда декоративных и ягодных культур: львиного зева, пионов, роз, актинидии, ежевики, земляники и винограда.

Львиный зев (*Antirrhinum majus* L.). Львиный зев – одна из наиболее популярных культур в современном цветоводстве. Современные сорта и гибриды львиного зева характеризуются большим разнообразием окраски и формы цветков, высоты растений, отличаются устойчивостью к заморозкам (Khanbabaeva et al., 2013). Наряду с *Arabidopsis thaliana* L., львиный зев более 100 лет используется в качестве модельного объекта для изучения генетического контроля признаков, в первую очередь, окраски цветка (Schwarz-Sommer et al., 2003). У *A. majus* впервые обнаружен ряд ключевых генов, регулирующих развитие цветка, определяющих изменчивость его окраски, а также вовлеченных в контроль самонесовместимости. М. Li с соавторами (Li et al., 2019) получили первую в случае представителей семейства Plantaginaceae Juss. (Scrophulariaceae Juss.) версию сборки генома сорта ‘J17’ *A. majus*, охватывающую 510 миллионов (510×10^6) пар оснований геномной последовательности и включающую почти 38 тысяч белок-кодирующих генов (Li et al., 2019).

Известно, что окраска цветка и других органов растения определяется различными группами пигментов – каротиноидами, хлорофиллами и пигментами флавоноидной группы, в том числе антоцианами. Антоцианы,

в различных сочетаниях, обеспечивают не только окраску синего, фиолетового, пурпурного, желтого и других оттенков, но и отвечают за устойчивость к факторам среды, в том числе ультрафиолетовому излучению, холоду и другим (Nassour et al., 2020). Путь биосинтеза антоцианов хорошо изучен, установлены ключевые ферменты и субстраты, однако молекулярно-генетические основы различий в интенсивности, оттенках и зональном распределении окраски нуждаются в дальнейшем уточнении для каждого конкретного вида. Изучение генов, ответственных за синтез пигментов и разнообразие окраски цветка, позволит установить генетическую основу межсортовых и межвидовых различий, механизм их возникновения.

Молекулярно-генетической основой полиморфизма окраски цветка *A. majus* является различная экспрессия регуляторных (*R2R3-MYB*) и структурных (*CHI*, *CHS*, *DFR*, *F3H*, *F3'H*, *F3'5'H*) генов биосинтеза антоцианов (Schwinn et al., 2006; Ishiguro et al., 2012). Гены подсемейства *R2R3-MYB* кодируют группу транскрипционных факторов 2R-MYB, участвующих в регуляции процессов развития растений, вторичного метаболизма и ответа на воздействия стрессовых факторов среды. Продукты генов *CHI* (халкон-изомеразы), *CHS* (халкон-синтазы), *DFR* (дегидрофлавонол-4-редуктазы), *F3'H* (флавоноид-3'-гидроксилазы), *F3'5'H* (флавоноид-3'5'-гидроксилазы) являются главными компонентами биосинтетических путей антоцианов.

Изучение полиморфизма окраски у львиного зева требует оценки аллельного разнообразия генов, участвующих в регуляции цветения. Перспективным в этом направлении, является использование ILP-маркеров (Intron Length Polymorphism) благодаря их высокой специфичности, а также сравнительно низкой консервативности интронных областей генов. Анализ полиморфизма длин интронов генов интереса позволит сделать вывод о том, является ли различная окраска цветка у растений львиного зева следствием хромосомных мутаций (дупликации и дальнейшей диверсификации генов) или же изменений структуры одного гена (Pankin et al., 2008).

Важным источником генных мутаций в растительных организмах являются мобильные элементы (транспозоны, ретротранспозоны). Известно, что такие транспозоны как Tam1, Tam2, Tam3, могут встраиваться в различные локусы генома *A. majus* и вызывать изменение распределения пигмента или же его отсутствие (Martin et al., 1985; Coen et al., 1986; Nehl et al., 1987). Например, транспозон Tam1, интегрируясь в промоторную область гена *nivea* (кодирует фермент халкон-синтазу) прекращает его экспрессию, провоцируя развитие белых цветков. Экцизия транспозона в соматических клетках приводит к восстановлению функции гена, но нарушает его структуру, что приводит к развитию цветков белого цвета с окрашенными полосами и пятнами (Sommer et al., 1985). Таким образом, изучение факторов, вызывающих изменение интенсивности экспрессии структурных и регуляторных генов биосинтеза антоцианов и, следовательно, полиморфизм

окраски позволит в дальнейшем редактировать описанные гены и получать сорта львиного зева с требуемыми характеристиками.

Пионы (*Paeonia lactiflora* Pall., *P. suffruticosa* Andrews). Травянистый пион *P. lactiflora* является традиционным цветком в Китае (Li, 1999). История его культивирования насчитывает свыше 3900 лет. Благодаря своим крупным цветкам, широкой палитре окрасок цветов, привлекательной форме, аромату, а также очень высокой декоративной ценности, травянистый пион приобрел популярность во всем мире. Являясь значимой декоративной культурой, пион также используется как лекарственное сырье в традиционной медицине. Так, семена древовидных пионов содержат высшие ненасыщенные жирные кислоты (α -линоленовая, олеиновая, линолевая) и считаются перспективным источником высококачественного пищевого масла (Li et al., 2015a;b). Травянистый пион, имея богатую историю культивирования, представляет интерес как для филогенетических исследований, так и для селекционной работы (Li, 1999). В этой связи актуальной научной задачей является изучение генетического разнообразия существующих сортов. Для ее решения необходим комплексный подход, основанный на использовании классических и молекулярно-генетических методов. Морфофизиологические характеристики растений зависят не только от генотипа, но и от влияния внешней среды, поэтому результаты изучения фенотипа не всегда позволяют получить значимые сведения о генетическом разнообразии и родственных связях внутри вида. В свою очередь, результаты молекулярно-генетических исследований с привлечением ДНК-маркеров считаются более репрезентативными и достоверными (Sun et al., 2011). В настоящее время для изучения генетического разнообразия растений широко применяют маркеры SSR (англ. Simple Sequence Repeats), для разработки которых необходима информация о структуре генома. Однако геном пиона пока еще не изучен. В перспективе изучение транскриптома и секвенирование генома пиона позволит приступить к широкомасштабной разработке SSR-маркеров, а также быстрой идентификации большого количества сайтов однонуклеотидного полиморфизма (SNP, Single Nucleotide Polymorphism) в геноме (Fan et al., 2020; He et al., 2020).

Окраска цветка – один из важнейших признаков пиона, который обеспечивает как декоративную, так и коммерческую ценность этого растения. Антоцианы играют решающую роль в формировании и развитии окраски цветков; их биосинтез регулируется факторами транскрипции, в том числе представителями подсемейства R2R3-MYB. Была доказана роль генов *PsMYB114L* и *PsMYB12L* в регуляции биосинтеза антоцианов у древовидного пиона *P. suffruticosa* Andrews (сорт 'Shima Nishiki') (Zhang et al., 2019). Гены семейства *MYB*, регулирующие синтез антоцианов (*PsMYB114L*, *PsMYB12L*, *PsMYB12*, *PsMYB111*, *PsMYB4*, *PsMYB57* и *PsMYB58*), были найдены у сортов 'Lanhudie' 'Mochi Jinhui' и 'High

Noon' (Shi et al., 2022). Гены *MYB* регулируют экспрессию структурных генов по отдельности или во взаимосвязи с генами суперсемейств *bHLH* и *WD40*. Так, ген *PsMYB12* древовидного пиона регулирует экспрессию структурного гена *PsCHS*, совместно с *bHLH* и *WD40* в составе регуляторного транскрипционного комплекса MYB-bHLH-WD40 (MBW), а затем активирует биосинтез антоцианов, что способствует образованию пятнистости на лепестках цветка (Zhang et al., 2021). Комплексы генов *PsMYB58-PsbHLH1/3* играют важную роль в регуляции окраски цветков древовидного пиона (Zhang et al., 2021). Эти результаты предоставляют ценный ресурс для последующего изучения регуляторных процессов биосинтеза и накопления антоцианов, селекции пионов с применением методов молекулярной биологии, выведения улучшенных сортов с желаемой окраской цветков (Zhang et al., 2019).

Розы. Обширный род *Rosa* L. представлен более чем 333 видами и 24 тысячами сортов (Bumbeeva, 2010). По всему миру в садах высаживают более 20 млн розовых кустов в год (Nagar et al., 2007). Это свидетельствует о том, что роза является наиболее популярной и востребованной декоративной культурой. В России масштабное изучение садовых роз началось в 1812 году с основанием Никитского ботанического сада (Klimenko et al., 2019). Несмотря на то, что селекция роз имеет богатую историю, уходящую в глубь веков, создание и продвижение сорта является нелегкой задачей, требующей порядка 6-8 лет кропотливого разведения, отбора и тестирования (Mirich et al., 2021). Решение данной проблемы заключается в применении современных биотехнологических и молекулярно-генетических методов, которые значительно ускоряют создание качественно нового сорта. Среди основных направлений селекции роз – создание сортов растений с различной окраской, формой, степенью махровости цветка; ароматом; длительным, многократным, обильным цветением; устойчивостью к выгоранию цветка; устойчивостью к фитопатогенам; морозостойкостью (Rakhmangulov, Tikhonova, 2021; Rakhmangulov, 2022).

Изучение генетических ресурсов роз носит разносортный характер. Так, в работах, направленных на увеличение длительности цветения роз, установлено, что сверхэкспрессия генов, кодирующих функциональные (*RhCG6*, *RhCG1*, *RhAG1*) и регуляторные (*RhCG4*) белки, приводит к преждевременному старению лепестков у некоторых сортов (Hajizadeh et al., 2011). Также при изучении устойчивости к возбудителям мучнистой росы (*Podosphaera pannosa* (Wallr.: Fr.) de Bary) и черной пятнистости (*Marssonina rosae* (Lib.) Died.) в геноме роз выявлены гены *Rdr1*, *Rdr2*, *Rpp1*, отвечающие за резистентность к данным фитопатогенам (Linde et al., 2004). Кроме того, актуальным является и повышение морозостойкости роз, кусты которых на большей территории России на зимний период необходимо укрывать. В связи с этим основой для увеличения морозостойкости роз

может послужить изучение роли транскрипционных факторов CBF (C-repeated Binding Factor) – представителей семейства APETALA2/ETHYLENE RESPONSIVE FACTOR (AP2/ERF), гены которого регулируют работу генов холодостойкости *COR* (Cold-Regulated) у растений (Zaikina et al., 2019; Rouet et al., 2022). Известно, что избыточная экспрессия генов кластера *CBF* увеличивает морозостойкость у многих растений, среди которых *A. thaliana*, табак, томат, тополь, картофель, эвкалипт, яблоня и другие (Stockinger et al., 1997; Thomashow, 1999; Hsieh et al., 2002; Fowler, Thomashow, 2002; Benedict et al., 2006; Chinnusamy et al., 2007; Pino et al., 2008; Wisniewski et al., 2011; Navarro et al., 2011; Medina et al., 2011).

Стоит отметить ряд работ, направленных на изучение механизмов регуляции и усиления аромата роз. В частности, была показана роль гена *RhNUDX1*, кодирующего гидролазу семейства NUDIX (Nudix hydrolase), в регуляции биосинтеза гераниола – одного из монотерпенов, отвечающих за аромат цветка; продемонстрирована возможность восстановления (усиления) аромата путем увеличения экспрессии *RhNUDX1* (Magnard et al., 2015). Известно, что виды роз с белыми лепестками содержат наименьшее количество монотерпенов, желтые и бледно-розовые лепестки характеризуются промежуточным содержанием монотерпенов, а розовые лепестки – наибольшим. Обнаружено, что количество гераниола влияет на размеры и продолжительность жизни цветка (Dani et al., 2021). Выявлена взаимосвязь разнообразия цветочного аромата и окраски цветка, биохимические и регуляторные механизмы которых выяснены лишь частично. Так, показано *SPL9* – представитель семейства генов *SQUAMOSA-PROMOTER BINDING PROTEIN-LIKE* (*SPL*), вовлеченных в контроль фундаментальных процессов роста и развития растений (Preston, Hielman, 2013) – оказывает негативное влияние на синтез антоцианов у *A. thaliana* посредством дестабилизации комплекса активации транскрипции MYB-bHLH-WD40 (Gou et al., 2011), а также регулирует выделение терпенсинтаз, влияющих на степень выраженности аромата (Yu et al., 2015). Определена роль регуляторного модуля miR156-SPL9 в скоординированном биосинтезе цианидина, гликозилированные производные которого составляют более 99% от общего количества антоциановых пигментов, а также гермакрена D – летучего органического соединения, вырабатываемого в клетках лепестков сорта 'Old Blush' чайной розы *R. chinensis* Jacq. (Han et al., 2017; Raymond et al., 2018).

Методы редактирования генов с помощью системы CRISPR/Cas пока еще не нашли широкого применения для получения новых форм роз из-за сложности генома и низкой эффективности трансформации. Недавно опубликованы первые результаты по разработке высокоэффективной платформы для геномного редактирования чайно-гибридной розы (*Rosa hybrida*). Таким путем был отредактирован ген *RhEIN2* (*ETHYLENE INSENSITIVE 2*), кодирующий мембранный рецепторный белок – незаме-

нимый компонент пути сигналинга этилена. В результате получены растения, нечувствительные к воздействию этилена (Wang et al., 2022).

Флокс метельчатый (*Phlox paniculata* L.) является популярной, широко распространенной и универсальной декоративной культурой. В настоящее время его широко используют для создания бордюров, миксбордеров, цветочных групп и в срезке для создания цветочных композиций. В связи с этим основными задачами селекции и размножения флокса метельчатого является получение широкого ассортимента высокодекоративных, длительно цветущих сортов, устойчивых к выгоранию и длительно сохраняющихся в свежем виде в срезке (Mazaeva, 2018; Khanbabaeva et al., 2019). В настоящее время остро ощущается ограниченность сортамента флокса метельчатого. Сорта, созданные российскими селекционерами, доступны только в ботанических садах или у коллекционеров, тогда как ассортимент, представленный в современных питомниках, ограничивается легко размножаемыми сортами с невысокими декоративными качествами и классической окраской цветка. Кроме того, при традиционных способах размножения в тканях растений накапливается большое количество возбудителей грибных и вирусных заболеваний, что является причиной недостатка качественного посадочного материала этих растений.

Методы клонального микроразмножения садовых растений активно используются по всему миру, давая возможность получать оздоровленный посадочный материал высокого качества. В связи с этим, для флокса метельчатого перспективно разрабатывать элементы технологии размножения растений в культуре тканей, при котором полученные растения генетически идентичны исходному экземпляру. Однако, в настоящее время данная технология не реализует в полной мере потенциал *P. paniculata*, и требует разработки приемов, позволяющих оптимизировать способы введения флокса метельчатого в культуру *in vitro*, условия длительного депонирования, снизить длительность периода субкультивирования микрорастений на этапе мультипликации, а также увеличить коэффициент их размножения, сократить длительность этапа корнеобразования и повысить приживаемость регенерантов на этапе адаптации к нестерильным условиям. Помимо этого, практически нет сведений о развитии растений, полученных в культуре *in vitro*, при дальнейшем выращивании их в условиях открытого грунта.

ЯГОДНЫЕ КУЛЬТУРЫ

Актинидия (род *Actinidia* Lindl.) – сравнительно молодая садовая культура, представленная несколькими экономически важными видами, которые в последнее время успешно выходят на потребительский рынок. Поскольку актинидия является недавно одомашненной культурой, имеющийся сортимент коммерческих сортов представляет собой результаты отбора из дикорастущей

флоры или отбор гибридов первого и второго поколения. В России лишь незначительные территории пригодны для возделывания одного из самых выращиваемых в промышленных масштабах представителя рода *Actinidia* – *A. deliciosa* (A. Chev.) – актинидии деликатесной (киви). Создание сортов с компактной формой, пригодной для возделывания в центральной полосе России, поможет экономить на транспортировке плодов киви из субтропиков, а также разнообразить питание населения страны плодами, выращенными на собственной территории. Растение актинидии – крупная древовидная лиана высотой 6-10 м, что делает практически невозможным выращивание ее в защищенном грунте. Знание генетических аспектов формирования архитектуры растений конкретного вида, в частности актинидии деликатесной, повысит эффективность используемых методов. Это позволит сократить время для нахождения генов, редактирование которых будет необходимым и достаточным для изменения формы и размеров растения.

Так, особый интерес представляют члены семейства генов фосфатидил этаноламин-связывающих белков (Phosphatidyl Ethanolamine-Binding Protein, PEBP), которые присутствуют у всех эукариотов и играют центральную роль в процессах морфогенеза растений. Гомологом PEBP у модельного вида *A. thaliana* является белок FLOWERING LOCUS T (FT), который функционирует как активатор цветения и развития цветков, а также TERMINAL FLOWER (TFL) и CENTRORADIALIS (CEN), действующие как репрессоры цветения (Jin et al., 2021; Putterill, Varkonyi-Gasic, 2016).

Чтобы изучить роль FT-подобных генов *AcFT1* и *AcFT2* киви как факторов цветения, кодирующих последовательности, управляемые промотором 35S CaMV, ввели в растения *A. thaliana* дикого типа Col-0. Для каждой конструкции во время цветения оценивали восемь независимых линий. Раннее цветение было отмечено у всех растений с последовательностями *AcFT1* и *AcFT2* (Voogd et al., 2017). В качестве генов интереса также были выбраны гены, участвующие в дифференцировке меристемы, которые являются хорошими кандидатами для изменения архитектуры растения (Melzer et al., 2008). Среди многообразия данных генов были отмечены антагонисты FT-подобных генов, которые являются ключевыми регуляторами времени цветения: TFL1-подобные и (CEN)-подобные. TFL – это предполагаемый регуляторный ген, участвующий в контроле времени цветения и архитектуры цветков (Alvarez et al., 1992; Esumi et al., 2005). Данные гены являются консервативными репрессорами цветения, обладают повышенной экспрессией на кончике побегов (Bradley et al., 1996; 1997; Lifschitz et al., 2014). Семейство PEBP *A. deliciosa* также содержит три гена TFL1 (BFT); кодируемые ими белки образуют отдельную субкладу в линии CEN/TFL1. *A. deliciosa* имеет несколько CEN-подобных генов (Voogd et al., 2017). Гены *AcCEN4* и *AcCEN* характеризуются сравнительно высокими уровнями экспрессии в активно растущих концах побегов

и в пазушных почках (Varkonyi-Gasic et al., 2019), что позволяет рассматривать их в качестве основных кандидатов для регуляции формирования архитектуры растений, а также времени цветения и скорости созревания плодов *A. deliciosa*.

Виноград (род *Vitis* L.). Виноград культурный (*V. vinifera* L.) – одна из важнейших сельскохозяйственных культур как в мире, так и в нашей стране. Его ягоды обладают не только прекрасными органолептическими качествами, но и содержат необходимые нутриенты для полноценного питания человека. Промышленное производство винограда культурного сконцентрировано в основном на юге России, и на данный момент селекция направлена на расширение ареала произрастания и повышение устойчивости к биотическим стрессам. Существует довольно большое количество сортов с ценными хозяйственными признаками, однако большинство коммерчески востребованных сортов не обладают устойчивостью к низким температурам. Одним из факторов, ограничивающим рост и урожайность культуры, а также географическое распространение винограда, являются отрицательные температуры. Создание сортов с повышенной холодоустойчивостью поможет увеличить количество посевных площадей и расширить ареал произрастания винограда.

Молекулярно-генетические механизмы ответа растений на воздействия низких температур изучены у пшеницы, риса, яблони и других растений (Zaikina et al. 2019). Так, в исследовании, выполненном на модельном растении *A. thaliana* было показано, что основным ответом на низкотемпературный стресс является активация экспрессии генов регулона *CBF/DREB1* (Dehydration Responsive Elements-Binding proteins). Экспрессия генов *CBF* находится под контролем транскрипционного фактора ICE1 (Inducer of *CBF* Expression), информация о котором записана в ДНК выше по ходу транскрипции. После открытия генов *ICE* у *A. thaliana* их гомологи были обнаружены также в различных видах сельскохозяйственных растений, включая пшеницу, рис, бананы, чай, тройчатые апельсины и виноград. Показано, что ICE-подобные белки, гены которых сверхэкспрессируются в трансгенных растениях, способны повышать устойчивость к абиотическим стрессовым факторам среды. Например, сообщалось, что сверхэкспрессия ICE-подобного гена из винограда амурского (*V. amurensis* Rupr.) в табаке приводит к повышенной холодоустойчивости (Dong et al., 2013).

Гены, кодирующие семейство стресс-ассоциированных белков (Stress-Associated Proteins, SAP), могут реагировать на различные биотические и абиотические стрессовые факторы, и играют важную роль в процессах повышения устойчивости растений к различным стрессовым воздействиям. Shu с соавторами (Shu et al., 2021) изучали защитную функцию гена *VaSAP15* в контроле устойчивости к низким температурам у дикорастущей формы *V. amurensis*. Листья *V. vinifera* у трансгенных линий сорта ‘Thompson Seedless’, которые были получены методом агробактериальной трансформации и характеризова-

лись сверхэкспрессией гена *VaSAP15*, меньше повреждались холодом по сравнению с диким типом. Эти линии отличались пониженным содержанием малонового диальдегида и низкой скоростью выхода электролитов. Уровень экспрессии некоторых генов, ассоциированных с холодоустойчивостью, включая *CBF1*, *CBF2*, *CBF3*, *COR27*, *RD29B* и *NCED1*, оказался повышенным. Устойчивость к холоду, ассоциированная с белком VaSAP15, обеспечивается взаимодействием этого белка с другими партнерами, такими как VaPDI1, белковая дисульфид-изомераза, которая модулирует пути сигнальной трансдукции и регулирует ответ генов на холодостресс (Shu et al., 2021).

Референсный геном культурного винограда (Jaillon et al., 2007), служит эффективным биоинформатическим ресурсом для работ в области молекулярной генетики, функциональной геномики и биотехнологии, а в последние годы – основой работ по ре-секвенированию геномов других видов рода *Vitis*. В последние годы успешно разрабатываются подходы к модификации генов винограда с помощью системы геномного редактирования CRISPR/Cas9. Проводятся исследования по оптимизации компонентов системы редактирования (Olivares et al., 2021; Ren et al., 2021); получены первые практические результаты. С помощью универсального вектора на основе репликона гермивируса (pGMV-U) получены крупные делеции в генах винограда, вовлеченных в контроль устойчивости к грибным патогенам. С целью выяснения роли белка PR4, связанного с устойчивостью к возбудителю милдью – оомицету *Plasmopara viticola* Berl. et de T., с помощью системы CRISPR/Cas9 у сорта ‘Thompson Seedless’ была получена серия мутантных линий, у которых функция гена *VvPR4* утрачена в результате нокаута (Li et al., 2020).

Ежевика (род *Rubus* L., подрод *Eubatus* Focke) относится к числу малораспространенных на территории России ягодных культур (Gruner, 1987; 2014). Ягоды ежевики обладают богатым составом биологически активных веществ, среди которых обнаружены сахара (5,1-13%), органические кислоты (0,5-1,5%), пектиновые вещества (1,8%), клетчатка (2-4%), а также витамины С, В, РР, Е и другие (Gruner, 1986; Cho et al., 2004).

Побеги большинства представителей подрода *Eubatus* подмерзают при зимовке, в связи с чем важной задачей селекции ежевики является создание зимостойких сортов. Однако сортовое разнообразие ежевики с генетически обусловленной морозоустойчивостью невелико (Gruner et al., 2018; Evdokimenko, Kulagina, 2015). В данном контексте перспективным видится проведение исследований морозостойкости ежевики, обусловленной экспрессией генов *CBF*, которые кодируют факторы транскрипции AP2/ERF – ключевые регуляторы ответа растений на воздействие стрессовых факторов среды (Thomashow, 1999; Medina et al., 2011).

Значимую роль в селекции ежевики играет создание бесшипных сортов (Gruner, Kornilov, 2020). Шипы

ежевики являются видоизмененными трихомами, которые продолжают расти и в итоге затвердевают, образуя колючки в виде разрастаний эпидермальной ткани (Kellogg et al., 2011). Роль гена *TTG1* (*Transparent Testa Glabral*), кодирующего транскрипционный фактор суперсемейства WD 40, в контроле развития трихом продемонстрирована для *A. thaliana* (Szymanski et al., 2000), *Rosa roxburghii* Tratt. (Huang et al., 2022), *R. rugosa* Thunb. (Wang et al., 2019), *Cucumis sativus* L. и других двудольных растений (Shvachko et al., 2020). Ген *TTG1* является регулятором многих процессов у растений, в том числе специализации клеток, вторичного метаболизма, накопления запасных веществ, реакции на биотические и абиотические стрессорные факторы, а также времени цветения. К настоящему времени известно 23 рецессивные мутации в локусе *TTG1* *A. thaliana* (инсерции, делеции, стоп-кодоны), большинство из которых обуславливают «гладкий» фенотип (Tian, Wang, 2020). Следовательно, создание форм ежевики с «бесшипным» фенотипом возможно путем получения рецессивных мутаций *tgl1*.

Земляника садовая *F. ×ananassa* является одной из важнейших ягодных культур, наиболее востребованных плодовых растений благодаря высокому уровню транспортабельности, вкусовым качествам, а также скороспелости и лечебно-профилактическим свойствам ягод. Земляника – уникальная культура, ягоды которой активно употребляются в пищу, богаты витаминами и антиоксидантами, а также привлекают внимание потребителей красивым и ярким внешним видом.

По данным Продовольственной и сельскохозяйственной организации Объединенных Наций (ФАО) (ФАО, 2022) в 2021 году лидерами по валовому сбору урожая земляники являлись: 1 место – США (605787 кг/га), 2 место – Нидерланды (557338 кг/га), 3 место – Марокко (502941 кг/га). Основными экспортёрами земляники в 2020 году были Испания (23% мирового экспорта), Мексика (20%), США (16,5%), Нидерланды (11,9%), Бельгия (6,3%). Россия в данном списке занимает 48 место с долей экспорта менее 0,1%. На территории нашей страны общая площадь насаждений земляники составляет

свыше 30 тыс. га, наибольший процент от этих площадей составляют приусадебные и дачные участки. Благодаря высокому адаптивному потенциалу землянику можно успешно выращивать в разных почвенно-климатических регионах. В последние годы приоритетными направлениями в селекции являются: улучшение транспортабельности плодов, повышение морозостойкости, засухоустойчивости, устойчивости к болезням. К сожалению, плоды, имеющие долгую лежкость, теряют свои вкусовые и ароматические качества. Поэтому актуально улучшение вкусовых качеств ягод у современных промышленных сортов *F. ×ananassa* путем геномного редактирования.

Одним из показателей вкусового комплекса земляники является уровень сладости плода – сахаристость. Согласно современным исследованиям, гены, участвующие в метаболизме сахаров, можно отнести к трем основным семействам: гены, связанные с транспортом сахаров, с синтезом и деградацией сахарозы (Lee et al., 2018). Известен ключевой ген, контролирующий накопление сахарозы – *FaSPS3* (*Sucrose-6-Phosphate Synthase 3*). В то же время ген *FaMYB44.2* на ранних этапах созревания плодов негативно регулирует накопление сахаров в плодах, подавляя экспрессию гена *FaSPS3*. Далее при созревании ягод в работу включается *FaMYB10*, который снижает экспрессию *FaMYB44.2*, что приводит к накоплению сахарозы в спелых плодах земляники (Wei et al., 2018).

Работы по редактированию генов октоплоидной земляники пока еще носят поисковый характер. Так, недавно с помощью системы CRISPR/Cas9 получена серия биаллельных мутантов по модельному гену *PDS*, который кодирует фермент фитоен-десатуразу, участвующую в синтезе каротиноидов. Нарушения последовательности гена приводили к изменению структуры белка и были связаны с характерным фенотипом “albino” (Wilson et al., 2019).

Информация об основных группах генов, контролирующих важные биологические и хозяйственно ценные признаки обсуждаемых в обзоре декоративных и ягодных растений, представлена в таблице.

Таблица. Основные гены, вовлеченные в контроль важных биологических и хозяйственно ценных признаков у декоративных и плодовых растений

Table. The main genes involved in the control of important biological and agronomical characters of ornamental and berry crops

Группа генов/ Group of genes	Род, вид/ Genus, species						
	<i>Antirrhinum majus</i> L.	<i>Paeonia</i> L.	<i>Rosa</i> L.	<i>Actinidia</i> L.	<i>Vitis</i> L.	<i>Rubus</i> subg. <i>Eubatus</i> Focke	<i>Fragaria</i> × <i>ananassa</i> Weston) Duchesne ex Rozier
MBW (MYB, bHLH и WD40)	<i>R2R3-MYB</i> , <i>CHI</i> , <i>CHS</i> , <i>DFR</i> , <i>F3H</i> , <i>F3'H</i> , <i>F3'H</i> , <i>F3'5'H</i>	<i>PsMYB114L</i> , <i>PsMYB12L</i> , <i>PsMYB12</i> , <i>PsMYB111</i> , <i>PsMYB4</i> , <i>PsMYB57</i> и <i>PsMYB58</i>	-	-	<i>CBF1</i>	<i>CBF1</i> , <i>CBF2</i> , <i>CBF3</i> , <i>TTG1</i>	<i>FaSPS3</i> , <i>FaMYB44.2</i>
NUDX1	-	-	<i>RhNUDX1</i>	-	-	-	-
SPL9	-	-	<i>SPL9</i>	-	-	-	-
PEBP	-	-	-	<i>FT</i> -подобные, <i>TFL1</i> -подобные и <i>CEN</i> -подобные гены	-	<i>RoBFT</i>	-
SAP	-	-	-	-	<i>VaSAP15</i>	-	-
SAG	-	-	<i>RhCG4</i> , <i>RhCG6</i> , <i>RhCG1</i> , <i>RhAG1</i>	-	-	-	-

Заключение

Выведение конкурентноспособных сортов традиционными методами – чрезвычайно длительный процесс, потенциал которого зачастую ограничен внутри- и межвидовой изменчивостью. В рамках работы лаборатории поставлены цели и задачи для интенсификации селекционного процесса по вышеназванным декоративным и ягодным культурам. Биотехнологические и молекулярно-генетические методы, в том числе и геномное редактирование являются перспективным набором инструментов для улучшения хозяйственно-ценных признаков изучаемых культур. В то же время, необходимо наличие информации не только о структуре генома, но и о функциональности отдельных генов. Поиск генов-мишеней для внесения точечных мутаций является фундаментальной задачей. Проведение прикладных исследований генетических ресурсов растений, направленных на выделение и создание новых форм растений, устойчивых к различным биотическим и абиотическим стрессам, преодоление нескрещиваемости отдаленных видов и родов для дальнейшего проведения широких генетических и селекционных исследований, послужит основой для получения конкурентноспособных отечественных сортов декоративных и ягодных культур.

References/Литература

- Alvarez J., Guli C.L., Yu X.H., Smyth D.R. *terminal flower*: a gene affecting inflorescence development in *Arabidopsis thaliana*. *The Plant Journal*. 1992;2(1):103-116. DOI: 10.1111/j.1365-313X.1992.00103.x
- Benedict C., Skinner J.S., Meng R., Chang Y., Bhalerao R., Huner N.P.A., Finn C.E., Chen T.H.H., Hurry V. The CBF1-dependent low temperature signalling pathway, regulon and increase in freeze tolerance are conserved in *Populus spp.* *Plant Cell and Environment*. 2006;29(7):1259-1272. DOI: 10.1111/j.1365-3040.2006.01505.x
- Bradley D., Carpenter R., Copsey L., Vincent C., Rothstein S., Coen E. Control of inflorescence architecture in *Antirrhinum*. *Nature*. 1996;379(6568):791-797. DOI: 10.1038/379791a0
- Bradley D., Ratcliffe O., Vincent C., Carpenter R., Coen E. Inflorescence commitment and architecture in *Arabidopsis*. *Science*. 1997;275(5296):80-83. DOI: 10.1126/science.275.5296.80
- Bumbeeva L.I. *Roses (Rozy)*. Moscow: Kladez Buks; 2010. [In Russian] (Бумбеева Л.И. Розы. Москва: Кладезь Букс; 2010).
- Chinnusamy V, Zhu J, Zhu J.K. Cold stress regulation of gene expression in plants. *Trends in Plant Science*. 2007;12:444-451. DOI: 10.1016/j.tplants.2007.07.002
- Cho M.J., Howard L.R., Prior R.L., Clark J.R. Flavonoid glycosides and antioxidant capacity of various blackberry, blueberry and red grape genotypes determined by high-performance liquid chromatography/mass spectrometry. *Journal of the Science of Food and Agriculture*. 2004;84:1771-1782. DOI: 10.1002/jsfa.1885
- Coen E.S., Carpenter R., Martin C. Transposable elements generate novel spatial patterns of gene expression in *Antirrhinum majus*. *Cell*. 1986;47(2):285-296. DOI: 10.1016/0092-8674(86)90451-4

- Dani K.G.S., Fineschi S., Michelozzi M., Trivellini A., Pollastri S., Loreto F. Diversification of petal monoterpene profiles during floral development and senescence in wild roses: relationships among geraniol content, petal colour, and foral lifespan. *Oecologia*. 2021;197:957-969. DOI: 10.1007/s00442-020-04710-z
- Dong C., Zhang Z., Ren J., Qin Y., Huang J., Wang Y., Cai B., Wang B., Tao J. Stress-responsive gene *ICE1* from *Vitis amurensis* increases cold tolerance in tobacco. *Plant Physiology and Biochemistry*. 2013;71:212-217. DOI: 10.1016/j.plaphy.2013.07.012
- Esumi T., Tao R., Yonemori K. Isolation of *LEAFY* and *TERMINAL FLOWER 1* homologues from six fruit tree species in the subfamily Maloideae of the Rosaceae. *Sexual Plant Reproduction*. 2005;17(6):277-287. DOI: 10.1007/s00497-004-0239-3
- Evdokimenko S.N., Kulagina V.L. Evaluation of blackberry varieties and raspberry-blackberry hybrids in conditions of the Bryansk Region. *Horticulture and viticulture*. 2015;4:20-23. [in Russian] (Евдокименко С.Н., Кулагина В.Л. Оценка сортов ежевики и малино-ежевичных гибридов в условиях Брянской области. *Садоводство и виноградарство*. 2015;4:20-23).
- Fan Y., Wang Q., Dong Z., Yin Y., Teixeira da Silva J.A., Yu X. Advances in molecular biology of *Paeonia* L. *Planta*. 2020;251:23. DOI: 10.1007/s00425-019-03299-9
- Fowler S., Thomashow M.F. Arabidopsis transcriptome profiling indicates that multiple regulatory pathways are activated during cold acclimation in addition to the CBF cold response pathway. *Plant Cell*. 2002;14:1675-1690. DOI: 10.1105/tpc.003483
- Gou J.Y., Felippes F.F., Liu C.J., Weigel D., Wang J.W. Negative regulation of anthocyanin biosynthesis in *Arabidopsis* by a miR156-targeted SPL transcription factor. *Plant Cell*. 2011;23:1512-1522. DOI: 10.1105/tpc.111.084525
- Gruner L.A. Winter hardiness of blackberries in the Foothill zone of the Caucasus. *Bulletin of applied botany, genetics and plant breeding*. 1986;106:85-86. [in Russian] (Грюнер Л.А. Зимостойкость ежевики в предгорной зоне Кавказа. *Сборник научных трудов по прикладной ботанике, генетике и селекции*. 1986;106:85-86).
- Gruner L.A. Blackberry – a valuable plant (Yezhevika – tsennoye rasteniye). *Nature Protection of Adygea = Ohrana prirody Adygei*. 1987;(3):83-85. [in Russian] (Грюнер Л.А. Ежевика – ценное растение. *Охрана природы Адыгеи*. 1987;(3):83-85).
- Gruner L.A., Knyazev S.D., Kuleshova O.V. Elements of blackberry growing technology in conditions of Orel region. *Vestnik of the Russian agricultural science*. 1918;(4):31-34. [in Russian] (Грюнер Л.А., Князев С.Д., Кулешова О.В. Элементы технологии выращивания ежевики в условиях Орловской области. *Вестник российской сельскохозяйственной науки*. 2018;(4):31-34). DOI: 10.30850/vrsn/2018/4/31-34
- Gruner L.A., Kornilov B.B. Priority trends and prospects of blackberry breeding in conditions of Central Russia. *Vavilov Journal of Genetics and Breeding*. 2020;24(5):489-500. [in Russian] (Грюнер Л.А., Корнилов Б.Б. Приоритетные направления и перспективы селекции ежевики в условиях средней полосы России. *Вавиловский журнал генетики и селекции*. 2020;24(5):489-500). DOI: 10.18699/VJ20.641
- Gruner L.A. Blackberries (Yezhevika). In: E.N. Sedov, L.A. Gruner (eds.). *Pomology. Vol 5. Strawberries, Raspberries, Nut and Rare Crops*. Orel: VNIISPK; 2014. p.300-308. [in Russian] (Грюнер Л.А. Ежевика. В кн.: *Помология. Т.5 Земляника. Малина. Орехоплодные и редкие культуры* / под ред. Е.Н. Седова, Л.А. Грюнер. Орел: ВНИИСПК; 2014. С.300-308).
- Hajizadeh H., Razavi Kh., Mostofi Y., Mousavi A., Cacco G., Zamani Z., Stevanato P. Identification and characterization of genes differentially displayed in *Rosa hybrida* petals during flower senescence. *Scientia Horticulturae*. 2011;128:320-324. DOI: 10.1016/j.scienta.2011.01.026
- Han Y., Wang H., Cheng T., Wang J., Yang W., Pan H., Zhang Q. Comparative RNA-seq analysis of transcriptome dynamics during petal development in *Rosa chinensis*. *Scientific Reports*. 2017;7:1-14. DOI: 10.1038/srep43382
- He D, Zhang J., Zhang X., He S., Xie D., Liu Y., Li C., Wang Z., Liu Y. Development of SSR markers in *Paeonia* based on De Novo transcriptomic assemblies. *PLoS ONE*. 2020;15(1):e0227794. DOI: 10.1371/journal.pone.0227794
- Hehl R., Sommer H., Saedler H. Interaction between the *Tam1* and *Tam2* transposable elements of *Antirrhinum majus*. *Molecular and General Genetics*. 1987;207(1):47-53. DOI: 10.1007/bf00331489
- Hsieh T.-H., Lee J.-t., Yang P.-T., Chang Y.-Y., Chan M.-T. Tomato plants ectopically expressing arabidopsis *CBF1* show enhanced resistance to water deficit stress. *Plant Physiology*. 2002;130(2):618-626. DOI: 10.1104/pp.006783
- Huang X., Yi P., Liu Y., Li Q., Jiang Y., Yi Y., Yan H. RrTTG1 promotes fruit prickles development through an MBW complex in *Rosa roxburghii*. *Frontiers in Plant Science*. 2022;13:939270. DOI: 10.3389/fpls.2022.939270
- Ishiguro K., Taniguchi M., Tanaka Y. Functional analysis of *Antirrhinum kelloggii* flavonoid 3'-hydroxylase and flavonoid 3',5'-hydroxylase genes; critical role in flower color and evolution in the genus *Antirrhinum*. *Journal of Plant Research*. 2012;125:451-456. DOI: 10.1007/s10265-011-0455-5
- Jaillon O., Aury J.M., Noel B., Policriti A., Clepet C., Casagrande A., Choise N., Aubourg S., Vitulo N., Jubin C., Vezzi A., Legeai F., Huguency P., Dasilva C., Horner D., Mica E., Jublot D., Poulain J., Bruyère C., Billault A., Segurens B., Gouyvenoux M., Ugarte E., Cattonaro F., Anthouard V., Vico V., Del Fabbro C., Alaux M., Di Gaspero G., Dumas V., Felice N., Paillard S., Juman I., Moroldo M., Scalabrin S., Canaguier A., Le Clainche I., Malacrida G., Durand E., Pesole G., Laucou V., Chatelet P., Merdinoglu D., Delledonne M., Pezzotti M., Lecharny A., Scarpelli C., Artiguenave F., Pè M.E., Valle G., Morgante M., Caboche M., Adam-Blondon A.F., Weissenbach J., Quétier F., Wincker P., French-Italian Public Consortium for Grapevine Genome Characterization. The grapevine genome sequence suggests ancestral hexaploidization in major angiosperm phyla. *Nature*. 2007;449:463-467. DOI: 10.1038/nature06148
- Jin S., Nasim Z., Susila H., Ahn J.H. Evolution and functional diversification of *FLOWERING LOCUS T/TERMINAL FLOWER 1* family genes in plants. *Seminars in Cell and Developmental Biology*. 2021;109:20-30. DOI: 10.1016/j.semcdb.2020.05.007
- Kellogg A.A., Branaman T.J., Jones N.M., Little C.Z., Swanson J.-D. Morphological studies of developing *Rubus* prickles suggest that they are modified glandular trichomes. *Botany*. 2011;89:217-226. DOI: 10.1139/b11-008
- Khanbabaeva O.E., Bogdanova V.D., Zarenkova E.G. Studying of flowering and pollination biology of dwarf snapdragon (*Antirrhinum majus* L.) varieties and lines. *Izvestia of Timiryazev Agricultural Academy*. 2013;(5):92-100. [in Russian] (Ханбабаева О.Е., Богданова В.Д., Заренкова Е.Г. Изучение биологии цветения и опыления сортов и линий карликового львиного зева (*Antirrhinum majus* L.). *Известия Тимирязевской сельскохозяйственной академии*. 2013;(5):92-100).
- Khanbabaeva O.E., Mantseva A.E., Mazaeva A.S., Sorokopudov V.N. The use of wild medicinal plants in the landscape construction of the city of Moscow. *The Earth*. 2019;(2):32-39. [in Russian] (Ханбабаева О.Е., Мазаева А.С., Манцева А.Е., Сорокопудов В.Н. Использование дикорастущих лекарственных растений в ландшафтном строительстве города Москвы. *Земля*. 2019;(2):32-39).
- Khlestkina E.K., Shumny V.K. Prospects for application of breakthrough technologies in breeding: The CRISPR/Cas9 system for plant genome editing. *Russian Journal of Genetics*. 2016;52(7):676-687. DOI: 10.1134/S102279541607005X
- Klimenko Z.K., Plugatar Yu.V., Plugatar S.A., Zykova V.K. The main directions of the breeding of garden roses in the southern coast of the Crimea. *Vegetable crops of Russia*. 2019;3(47):30-34. [in Russian] (Клименко З.К., Плуатарь Ю.В., Плуатарь С.А., Зыкова В.К. Основные направления селекционной работы с садовыми розами в условиях южного берега Крыма. *Овощи России*. 2019;3(47):30-34). DOI: 10.18619/2072-9146-2019-3-30-34
- Kuluev B.R., Gerashchenkov G.A., Rozhnova N.A., Baymiev An. Kh., Verшинina Z.R., Knyazev A.V., Matniyazov R.T., Gumerova G.R., Mikhailova E.V., Nikonorov Yu.M., Chemeris D.A., Baymiev A.I.Kh., Chemeris A.V. CRISPR/Cas genome editing of plants. *Biomics*. 2017;9(3):155-182. [in Russian]

- (Кулуев Б.Р., Герашенков Г.А., Рожнова Н.А., Баймиев А.Х., Вершинина З.Р., Князев А.В., Матнязов Р.Т., Гумерова Г.Р., Михайлова Е.В., Никоноров Ю.М., Чемерис Д.А., Баймиев А.Х., Чемерис А.В. CRISPR/Cas редактирование геномов растений *Биомика*. 2017;9(3):155-182). DOI: 10.1007/s00299-020-02573-5
- Lee J., Kim H.-B., Noh Y.-H., Min S.R., Lee H.-S., Jung J., Park K.-H., Kim D.-S., Nam M.H., Kim T.I., Kim S.-J., Kim H.R. Sugar content and expression of sugar metabolism-related gene in strawberry fruits from various cultivars. *Journal of Plant Biotechnology*. 2018;45(2):90-101. DOI: 10.5010/JPB.2018.45.2.090
- Li J.Y. Tree peony and herbaceous peony of China. Beijing: China's Forestry Press; 1999. [in Chinese].
- Li M., Zhang D., Gao Q., Luo Y., Zhang H., Ma B., Chen C., Whibley A., Zhang Yu., Cao Y., Li Q., Guo H., Li J., Song Y., Zhang Y., Copey L., Li Y., Li X., Qi M., Wang J., Chen Y., Wang D., Zhao J., Liu G., Wu B., Yu L., Xu C., Li J., Zhao S., Zhang Yi., Hu S., Liang C., Yin Y., Coen E., Xue Y. Genome structure and evolution of *Antirrhinum majus* L. *Nature Plants*. 2019;5:174-183. DOI: 10.1038/s41477-018-0349-9
- Li M.-Y., Jiao Y.-T., Wang Y.-T., Zhang N., Wang B.-B., Liu R., Yin X., Xu Y., Liu G.-T. CRISPR/Cas9-mediated *VvPR4b* editing decreases downy mildew resistance in grapevine (*Vitis vinifera* L.). *Horticulture Research*. 2020;7:149. DOI: 10.1038/s41438-020-00371-4
- Li S.-S., Wang L.-S., Shu Q.-Y., Wu J., Chen L.-G., Shao S., Yin D.-D. Fatty acid composition of developing tree peony (*Paeonia* section *Moutan* DC.) seeds and transcriptome analysis during seed development. *BMC Genomics*. 2015a;16:208. DOI: 10.1186/s12864-015-1429-0
- Li S.-S., Yuan R.-Y., Chen L.-G., Wang L.-S., Hao X.-H., Wang L.-J., Du H. Systematic qualitative and quantitative assessment of fatty acids in the seeds of 60 tree peony (*Paeonia* section *Moutan* DC.) cultivars by GC-MS. *Food Chemistry*. 2015b;173:133-140. DOI: 10.1016/j.foodchem.2014.10.017
- Lifschitz E., Ayre B.G., Eshed Y. Florigen and anti-florigen – a systemic mechanism for coordinating growth and termination in flowering plants. *Frontiers in Plant Science*. 2014;5:465. DOI: 10.3389/fpls.2014.00465
- Linde M., Hattendorf A., Mattiesh L., Debener T. Genetic analysis of rose resistance genes and their localisations in the rose genome. *Acta Horticulturae*. 2004;651:123-130. DOI: 10.17660/ActaHortic.2004.651.14
- Magnard J.-L., Rocca A., Caissard J.-C., Vergne P., Sun P., Hecquet R., Dubois A., Oyant L.H.-S., Jullien F., Nicolè F., Raymond O., Huguet S., Baltenweck R., Meyer S., Claudel P., Jeauffre J., Rohmer M., Foucher F., Huguency P., Bendahmane M., Baudino S. Biosynthesis of monoterpene scent compounds in roses. *Science*. 2015;349:81-83. DOI: 10.1126/science.aab0696
- Martin C., Carpenter R., Sommer H., Saedler H., Coen E.S. Molecular analysis of instability in flower pigmentation of *Antirrhinum majus*, following isolation of the *pallida* locus by transposon tagging. *The EMBO Journal*. 1985;4(7):1625-1630. DOI: 10.1002/j.1460-2075.1985.tb03829.x
- Mazaeva A.S. Agronomy of the Phlox panicum (*Phlox paniculata* L.) (Агротехника флокса метельчатого (*Phlox paniculata* L.)) *Vestnik Landshaftnoy arhitektury = Landscape Architecture Bulletin*. 2018;(15):44-46. [in Russian] (Мазеева А.С. Агротехника флокса метельчатого (*Phlox paniculata* L.)). *Вестник ландшафтной архитектуры* 2018;(15):44-46).
- Medina J., Catala R., Salinas J. The CBFs: three Arabidopsis transcription factors to cold acclimate. *Plant Science*. 2011;180:3-11. DOI: 10.1016/j.plantsci.2010.06.019
- Medvedeva N.I., Buntsevich L.L., Mokhno V.S. The use of methods *in vitro* in breeding of orchard and flower-ornamental crops (Ispolzovanie metodov *in vitro* v selektsii plodovykh i tsvetochno-dekorativnykh kultur). *Fruit growing and viticulture of South Russia*. 2012;15(3):1-11. [in Russian] (Медведева Н.И., Бунцевич Л.Л., Мокно В.С. Использование методов *in vitro* в селекции плодовых и цветочно-декоративных культур. *Плодоводство и виноградарство Юга России*. 2012;15(3):1-11).
- Melzer S., Lens F., Gennen J., Vanneste S., Rohde A., Beeckman T. Flowering-time genes modulate meristem determinacy and growth form in *Arabidopsis thaliana*. *Nature Geneticst*. 2008;40(12):1489-1492. DOI: 10.1038/ng.253
- Mirich M., Gigel M., Skazka M. Culinary Roses. The best varieties for cooking unusual dishes. (Kulinarnye rozy. Luchshiy sorta dlya prigotovleniya neobychnykh blyud) *Zdoroviy obraz myshleniya = A healthy way of thinking*. 2021;4(17):14-15. [in Russian] (Мирич М., Гигел М., Сказка М. Кулинарные розы. Лучшие сорта для приготовления необычных блюд. *Здоровый образ мышления*. 2021;4(17):14-15).
- Nagar P.K., Sharma M., Pati P.K., Ahuja P.S. Rose: some important finding with special reference to physiology of flowering. *Floriculture and Ornamental Biotechnology*. 2007;1(2):102-114.
- Nassour R., Ayash A., Al-Tameemi K. Anthocyanin pigments: structure and biological importance. *Journal of Chemical and Pharmaceutical Sciences*. 2020;13(4):45-57.
- Navarro M., Ayax C., Martinez Y., Laur J., Kayal W.E., Marque C., Teulieres C. Two *EgucBFL1* genes overexpressed in *Eucalyptus* display a different impact on stress tolerance and plant development. *Plant Biotechnology Journal*. 2011;9:50-63. DOI: 10.1111/j.1467-7652.2010.00530.x
- Olivares F., Loyola R., Olmedo B., Miccono M.A., Aguirre C., Vergara R., Riquelme D., Madrid G., Plantat P., Mora R., Espinoza D., Prieto H. CRISPR/Cas9 targeted editing of genes associated with fungal susceptibility in *Vitis vinifera* L. cv. Thompson Seedless using geminivirus-derived replicons. *Frontiers in Plant Science*. 2021;12:791030. DOI: 10.3389/fpls.2021.791030
- Pankin A.A., Vorobiev V.A., Khavkin E.E. Polymorphism of intron 2 of the *FLORICAULA/LEAFY* gene in *Brassica* plants. *Russian Journal of Plant Physiology*. 2008;55(4):507-512. DOI: 10.1134/s1021443708040122
- Pino M.T., Skinner J.S., Jeknic Z., Hayes P.M., Soeldner A.H., Thomashow M.F., Chen T.H.H. Ectopic *AtCBFL1* over-expression enhances freezing tolerance and induces cold acclimation-associated physiological modifications in potato. *Plant Cell and Environment*. 2008;31(4):393-406. DOI: 10.1111/j.1365-3040.2008.01776.x
- Preston J.C., Hielman L.C. Functional evolution in the plant *SQUAMOSA-PROMOTER BINDING PROTEIN-LIKE (SPL)* gene family. *Frontiers in Plant Science*. 2013;4:80. DOI: 10.3389/fpls.2013.00080
- Putterill J., Varkonyi-Gasic E. *FT* and florigen long-distance flowering control in plants. *Current Opinion in Plant Biology*. 2016;33:77-82. DOI: 10.1016/j.pbi.2016.06.008
- Rakhmangulov R.S. Application of the CRISPR/Cas system for gene editing in ornamental crops. *Plant Biotechnology and Breeding*. 2022;5(3):33-41. [in Russian] (Рахмангулов Р.С. Применение системы CRISPR/Cas для редактирования генов декоративных культур. *Биотехнология и селекция растений*. 2022;5(3):33-41). DOI: 10.30901/2658-6266-2022-3-01
- Rakhmangulov R.S., Tikhonova N.G. Breeding of ornamental plants in Russia. *Plant Biotechnology and Breeding*. 2021;4(4):40-54. [in Russian] (Рахмангулов Р.С., Тихонова Н.Г. Селекция декоративных растений в России. *Биотехнология и селекция растений*. 2021;4(4):40-54). DOI: 10.30901/2658-6266-2021-4-04
- Raymond O., Gouzy J., Just J., Badouin H., Verdenaud M., Lemainque A., Vergne P., Moja S., Choisne N., Pont C., Carrère S., Caissard J.-C., Couloux A., Cottret L., Aury J.-M., Szécsi J., Latrasse D., Madoui M.-A., François L., Fu X., Yang S.-H., Dubois A., Piola F., Larrieu A., Perez M., Labadie K., Perrier L., Govetto B., Labrousse Y., Villand P., Bardoux C., Boltz V., Lopez-Roques C., Heitzler P., Vernoux T., Vandenbussche M., Quesneville H., Boualem A., Bendahmane A., Liu C., Le Bris M., Salse J., Baudino S., Benhamed M., Wincker P., Bendahmane M. The *Rosa* genome provides new insights into the domestication of modern roses. *Nature Genetics*. 2018;50:772-777. DOI: 10.1038/s41588-018-0110-3
- Ren C., Liu Y., Guo Y., Duan W., Fan P., Li S., Liang Z., Optimizing the CRISPR/Cas9 system for genome editing in grape by using grape promoters. *Horticulture Research*. 2021;8:52. DOI: 10.1038/s41438-021-00489-z
- Rouet C., O'Neill J., Banks T., Tanino K., Derivy E., Somers D., Lee E.A. Mapping winterhardiness in garden roses. *Journal of*

- the American Society for Horticultural Science. 2022;147(4):37. DOI: 10.21273/JASHS05189-22
- Schwarz-Sommer Z., Davies B., Hudson A. An everlasting pioneer: the story of *Antirrhinum* research. *Nature Reviews Genetics*. 2003;4:655-664. DOI: 10.1038/nrg1127
- Schwinn K., Venail J., Shang Y., Mackay S., Alm V., Butelli E., Oyama R., Bailey P., Davies K., Martin C. A small family of MYB-regulatory genes controls floral pigmentation intensity and patterning in the genus *Antirrhinum*. *The Plant Cell*. 2006;18(4):831-851. DOI: 10.1105/tpc.105.039255
- Shi Q., Yuan M., Wang S., Luo X., Luo S., Fu Y., Li X., Zhang Y., Li L. *PrMYB5* activates anthocyanin biosynthetic *PrDFR* to promote the distinct pigmentation pattern in the petal of *Paeonia rockii*. *Frontiers in Plant Science*. 2022;13:955590. DOI: 10.3389/fpls.2022.955590
- Shvachko N.A., Semilet T.V., Tikhonova N.G. Trichomes of higher plants: homologous series in hereditary variability and molecular genetic mechanisms. *Russian Journal of Genetics*. 2020;56(11):1359-1370. DOI: 10.1134/S1022795420110083
- Shu X., Ding L., Gu B., Zhang H., Guan P., Zhang J. A stress associated protein from Chinese wild *Vitis amurensis*, VaSAP15, enhances the cold tolerance of transgenic grapes. *Scientia Horticulturae*. 2021;285:110147. DOI: 10.1016/j.scienta.2021.110147
- Sommer H., Carpenter R., Harrison B.J., Saedler H. The transposable element *Tam3* of *Antirrhinum majus* generates a novel type of sequence alterations upon excision. *Molecular Genetics and Genomics*. 1985;199:225-231. DOI: 10.1007/BF00330263
- Stockinger E.J., Gilmour S.J., Thomashow M.F. *Arabidopsis thaliana* *CBF1* encodes an AP2 domain-containing transcriptional activator that binds to the C-repeat/DRE, a cis-acting DNA regulatory element that stimulates transcription in response to low temperature and water deficit. *Proceedings of the National Academy of Sciences*. 1997;94:1035-1040. DOI: 10.1073/pnas.94.3.103
- Sun X.M., Gao H.D., Zhou W.Q., Yang H.G., Zhang M.M., Wang D. A research on the comprehensive evaluation method in *Paeonia*. *Middle-East Journal of Scientific Research*. 2011;8(1):216-221.
- Szymanski D.B., Lloyd A.M., Marks M.D. Progress in the molecular genetic analysis of trichome initiation and morphogenesis in *Arabidopsis*. *Trends in Plant Science*. 2000;5(5):214-219. DOI: 10.1016/S1360-1385(00)01597-1
- Thomashow M.F. Plant cold acclimation: freezing tolerance genes and regulatory mechanisms. *Annual Review of Plant Physiology and Plant Molecular Biology*. 1999;50:571-599. DOI: 10.1146/annurev.arplant.50.1.571
- Tian T., Wang S. TRANSPARENT TESTA GLABRA1, a key regulator in plants with multiple roles and multiple function mechanisms. *International Journal of Molecular Sciences*. 2020;21:4881. DOI: 10.3390/ijms21144881
- Varkonyi-Gasic E., Wang T., Voogd C., Jeon S., Drummond R.S.M., Gleave A.P., Allan A.C. Mutagenesis of kiwifruit *CENTRORADIALIS*-like genes transforms a climbing woody perennial with long juvenility and axillary flowering into a compact plant with rapid terminal flowering. *Plant Biotechnology Journal*. 2019;17(5):869-880. DOI: 10.1111/pbi.13021
- Voogd C., Brian L.A., Wang T., Allan A.C., Varkonyi-Gasic E. Three *FT* and multiple *CEN* and *BFT* genes regulate maturity, flowering, and vegetative phenology in kiwifruit. *Journal of Experimental Botany*. 2017;68(7):1539-1553. DOI: 10.1093/jxb/erx044
- Wang C., Li Y., Wang N., Yu Q., Li Y., Gao J., Zhou X., Ma N. An efficient CRISPR/Cas9 platform for targeted genome editing in rose (*Rosa hybrida*). *Journal of Integrative Biology*. 2022. DOI: 10.1111/jipb.13421
- Wang Y., Zhao M., Xu Z., Zhao L., Han X. Cloning and expression analysis of *TTGI* gene related to *Rosa rugosa* trichomes formation. *American Journal of Plant Sciences*. 2019;10(2):265-275. DOI: 10.4236/ajps.2019.102020
- Wei L., Mao W., Jia M., Xing S., Ali U., Zhao Y., Chen Y., Cao M., Dai Z., Zhang K., Dou Z., Jia W., Li B. *FaMYB44.2*, a transcriptional repressor, negatively regulates sucrose accumulation in strawberry receptacles through interplay with *FaMYB10*. *Journal of Experimental Botany*. 2018;69(20):4805-4820. DOI: 10.1093/jxb/ery249
- Wilson F.M., Harrison K., Armitage A.D., Simkin A.J., Harrison R.J. CRISPR/Cas9-mediated mutagenesis of phytoene desaturase in diploid and octoploid strawberry. *Plant Methods*. 2019;15:45. DOI: 10.1186/s13007-019-0428-6
- Wisniewski M., Basset L.M., Norelli J.L., Macarisin D. Ectopic expression of a novel peach (*Prunus persica*) *CBF* transcription factor in apple (*Malus × domestica*) results in short-day induced dormancy and increased cold hardiness. *Planta*. 2011;233(5):971-983. DOI: 10.1007/s00425-011-1358-3
- Yu Z.X., Wang L.-J., Zao B., Shan Ch.-M., Zhang Y.-H., Chen D.-F., Chen X.-Y. Progressive regulation of sesquiterpene biosynthesis in *Arabidopsis* and *Patchouli* (*Pogostemon cablin*) by the miR156-targeted SPL transcription factors. *Molecular Plant*. 2015;8(1):98-110. DOI: 10.1093/mp/ssl27
- Zaikina E.A., Rummyantsev S.D., Sarvarova E.R., Kuluev B.R. Transcription factor genes involved in plant response to abiotic stress factors. *Ecological Genetics*. 2019;17(3):47-58. [In Russian] (Заикина Е.А., Румянцев С.Д., Сарварова Е.Р., Кулуев Б.Р. Гены транскрипционных факторов, задействованных в ответе растений на абиотические стрессовые факторы. *Экологическая генетика*. 2019;17(3):47-58). DOI: 10.17816/ecogen17347-58
- Zhang X., Xu Z., Yu X., Zhao L., Zhao M., Han X., Qi S. Identification of two novel *R2R3-MYB* transcription factors, *PsMYB114L* and *PsMYB12L*, related to anthocyanin biosynthesis in *Paeonia suffruticosa*. *International Journal of Molecular Sciences*. 2019;20(5):1055. DOI: 10.3390/ijms20051055
- Zhang Y., Xu S., Ma H., Duan H., Gao S., Zhou X., Cheng Y. The *R2R3-MYB* gene *PsMYB58* positively regulates anthocyanin biosynthesis in tree peony flowers. *Plant Physiology and Biochemistry*. 2021;164:279-288. DOI: 10.1016/j.plaphy.2021.04.034

Информация об авторах

Руслан Султанович Рахмангулов, кандидат биологических наук, старший научный сотрудник, заведующий лабораторией генетики, селекции, биотехнологии декоративных и ягодных культур, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова (ВИР), 190000 Россия, г. Санкт-Петербург, ул. Большая Морская, 42, 44, r.rakhmangulov@vir.nw.ru, <https://orcid.org/0000-0003-1200-3113>

Иван Владимирович Барабанов, младший научный сотрудник лаборатории генетики, селекции, биотехнологии декоративных и ягодных культур, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова (ВИР), 190000 Россия, г. Санкт-Петербург, ул. Большая Морская, 42, 44, i.barabanov@vir.nw.ru, <https://orcid.org/0000-0001-7793-9823>

Мария Викторовна Ерастенкова, младший научный сотрудник лаборатории генетики, селекции, биотехнологии декоративных и ягодных культур, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова (ВИР), 190000 Россия, г. Санкт-Петербург, ул. Большая Морская, 42, 44, m.erastenkova@vir.nw.ru, <https://orcid.org/0000-0002-7328-437X>

Александр Александрович Иванов, младший научный сотрудник лаборатории генетики, селекции, биотехнологии декоративных и ягодных культур, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова (ВИР), 190000 Россия, г. Санкт-Петербург, ул. Большая Морская, 42, 44, a.ivanov@vir.nw.ru, <https://orcid.org/0000-0001-9055-0986>

Татьяна Владимировна Коваленко, младший научный сотрудник лаборатории генетики, селекции, биотехнологии декоративных и ягодных культур, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова (ВИР), 190000 Россия, г. Санкт-Петербург, ул. Большая Морская, 42, 44, t.kovalenko@vir.nw.ru, <https://orcid.org/0000-0001-9055-0986>

культур, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова (ВИР), 190000 Россия, г. Санкт-Петербург, ул. Большая Морская, 42, 44, t.kovalenko@vir.nw.ru, <https://orcid.org/0000-0001-6915-8760>

Ксения Максимовна Межина, младший научный сотрудник лаборатории генетики, селекции, биотехнологии декоративных и ягодных культур, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова (ВИР), 190000 Россия, г. Санкт-Петербург, ул. Большая Морская, 42, 44, k.mezhina@vir.nw.ru, <https://orcid.org/0000-0002-1587-2608>

Игорь Александрович Петросян, младший научный сотрудник лаборатории генетики, селекции, биотехнологии декоративных и ягодных культур, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова (ВИР), 190000 Россия, г. Санкт-Петербург, ул. Большая Морская, 42, 44, i.petrosyan@vir.nw.ru, <https://orcid.org/0000-0002-2632-8069>

Анастасия Анатольевна Харченко, младший научный сотрудник лаборатории генетики, селекции, биотехнологии декоративных и ягодных культур, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова (ВИР), 190000 Россия, г. Санкт-Петербург, ул. Большая Морская, 42, 44, a.kharchenko@vir.nw.ru, <https://orcid.org/0000-0002-3983-0082>

Дамир Юлаевич Шаймарданов, младший научный сотрудник лаборатории генетики, селекции, биотехнологии декоративных и ягодных культур, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова (ВИР), 190000 Россия, г. Санкт-Петербург, ул. Большая Морская, 42, 44, d.shaimardanov@vir.nw.ru, <https://orcid.org/0000-0002-5255-6399>

Эльза Хафизовна Шаймарданова, кандидат биологических наук, научный сотрудник лаборатории генетики, селекции, биотехнологии декоративных и ягодных культур, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова (ВИР), 190000 Россия, г. Санкт-Петербург, ул. Большая Морская, 42, 44, e.shaimardanova@vir.nw.ru, <https://orcid.org/0000-0002-2721-0986>

Ирина Николаевна Анисимова, доктор биологических наук, ведущий научный сотрудник, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова (ВИР), 190000 Россия, г. Санкт-Петербург, ул. Большая Морская, 42, 44, irina_anisimova@inbox.ru, <https://orcid.org/0000-0003-0474-8860>

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

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

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

Information about the authors

Ruslan S. Rakhmangulov, Cand. Sci. (Biology), Senior Researcher, Head, Laboratory of Genetics, Breeding, Biotechnology of Ornamental and Berry Crops, N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources (VIR), 42, 44, Bolshaya Morskaya Street, St. Petersburg, 190000 Russia, r.rakhmangulov@vir.nw.ru, <https://orcid.org/0000-0003-1200-3113>

Ivan V. Barabanov, Junior Researcher, Laboratory of Genetics, Breeding, Biotechnology of Ornamental and Berry Crops, N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources (VIR), 42, 44, Bolshaya Morskaya Street, St. Petersburg, 190000 Russia, i.barabanov@vir.nw.ru, <https://orcid.org/0000-0001-7793-9823>

Mariya V. Erastenkova, Junior Researcher, Laboratory of Genetics, Breeding, Biotechnology of Ornamental and Berry Crops, N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources (VIR), 42, 44, Bolshaya Morskaya Street, St. Petersburg, 190000 Russia, m.erastenkova@vir.nw.ru, <https://orcid.org/0000-0002-7328-437X>

Aleksandr A. Ivanov, Junior Researcher, Laboratory of Genetics, Breeding, Biotechnology of Ornamental and Berry Crops, N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources (VIR), 42, 44, Bolshaya Morskaya Street, St. Petersburg, 190000 Russia, a.ivanov@vir.nw.ru, <https://orcid.org/0000-0001-9055-0986>

Tatyana V. Kovalenko, Junior Researcher, Laboratory of Genetics, Breeding, Biotechnology of Ornamental and Berry Crops, N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources (VIR), 42, 44, Bolshaya Morskaya Street, St. Petersburg, 190000 Russia, t.kovalenko@vir.nw.ru, <https://orcid.org/0000-0001-6915-8760>

Ksenya M. Mezhdina, Junior Researcher, Laboratory of Genetics, Breeding, Biotechnology of Ornamental and Berry Crops, N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources (VIR), 42, 44, Bolshaya Morskaya Street, St. Petersburg, 190000 Russia, k.mezhdina@vir.nw.ru, <https://orcid.org/0000-0002-1587-2608>

Igor A. Petrosyan, Junior Researcher, Laboratory of Genetics, Breeding, Biotechnology of Ornamental and Berry Crops, N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources (VIR), 42, 44, Bolshaya Morskaya Street, St. Petersburg, 190000 Russia, i.petrosyan@vir.nw.ru, <https://orcid.org/0000-0002-2632-8069>

Anastasiia A. Kharchenko, Junior Researcher, Laboratory of Genetics, Breeding, Biotechnology of Ornamental and Berry Crops, N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources (VIR), 42, 44, Bolshaya Morskaya Street, St. Petersburg, 190000 Russia, a.kharchenko@vir.nw.ru, <https://orcid.org/0000-0002-3983-0082>

Damir Yu. Shaimardanov, Junior Researcher, Laboratory of Genetics, Breeding, Biotechnology of Ornamental and Berry Crops, N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources (VIR), 42, 44, Bolshaya Morskaya Street, St. Petersburg, 190000 Russia, d.shaimardanov@vir.nw.ru, <https://orcid.org/0000-0002-5255-6399>

Elza Kh. Shaimardanova, Cand. Sci. (Biology), Researcher, Laboratory of Genetics, Breeding, Biotechnology of Ornamental and Berry Crops, N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources (VIR), 42, 44, Bolshaya Morskaya Street, St. Petersburg, 190000 Russia, e.shaimardanova@vir.nw.ru, <https://orcid.org/0000-0002-2721-0986>

Irina N. Anisimova, Dr. Sci. (Biology), Leading Researcher, N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources (VIR), 42, 44, Bolshaya Morskaya Street, St. Petersburg, 190000 Russia, irina_anisimova@inbox.ru, <https://orcid.org/0000-0001-7098-7662>

Nadezhda G. Tikhonova, Cand. Sci. (Biology), Senior Researcher, Laboratory of Genetics, Breeding, Biotechnology of Ornamental and Berry Crops, 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>

Yulia V. Ukhatova, Cand. Sci. (Biology), Deputy Director for Scientific and Organizational Work, 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>

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

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

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

Конфликт интересов: авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

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

Статья поступила в редакцию 30.11.2022; одобрена после рецензирования 14.12.2022; принята к публикации 26.12.2022.

The article was submitted on 30.11.2022; approved after reviewing on 14.12.2022; accepted for publication on 26.12.2022.