
ГЕНЕТИКА, БИОТЕХНОЛОГИЯ, СЕЛЕКЦИЯ И СЕМЕНОВОДСТВО

**ДНК-профилирование и фенотипирование родительских компонентов
и гибридов сахарной свеклы (*Beta vulgaris* L.)**

**Арпине Артаваздовна Налбандян^{1✉}, Татьяна Петровна Федулова¹,
Ирина Вячеславовна Черепухина¹, Татьяна Сергеевна Руденко¹,
Светлана Александровна Мелентьева²**

¹Всероссийский научно-исследовательский институт сахарной свеклы и сахара
имени А.Л. Мазлумова, Воронежская область, Россия

²Опытная научная станция по сахарной свекле, Несвиж, Минская область, Беларусь

✉ Автор, ответственный за переписку: arpnal@rambler.ru

Аннотация

С помощью ДНК-профилирования и фенотипирования было изучено 10 родительских линий и 10 гибридов сахарной свеклы отечественной и белорусской селекции. 12 микросателлитных локусов характеризовались высоким уровнем полиморфизма (PIC) – от 0,55 до 0,83, с наибольшим значением для локуса Unigene 17623B (PIC = 0,83). Около 92% локусов во всех образцах имели доминантные аллели, встречающиеся у более половины образцов. Среди всех аллелей на всех локусах около 55–60% – доминантные (частота >50%), 25–30% – аллели средней частоты (от 20 до 50%), около 10–15% – редкие аллели (частота <20%), что свидетельствует о высокой консервативности при сохранении генетического разнообразия за счет имеющейся вариативности аллелей. Кластерный анализ, выполненный на основе матрицы расстояний Жаккара с использованием алгоритма UPGMA в программе PAST, определил разделение 10 гибридов согласно селекционным группам (Рамонская, Льговская и Белорусская), родству родительских форм и плоидности. Гибрид Полибел показал наименьшее сходство с другими гибридами (среднее значение индекса Жаккара – 0,416) по сравнению с гибридом Конкурс, у которого наибольшее сходство (0,592) с выборкой. На основе генетических профилей, полученных с использованием панели полиморфных маркеров, разработаны уникальные молекулярно-генетические паспорта для 10 гибридов. Была выполнена оценка данных генотипов сахарной свеклы Рамонской, Льговской и Белорусской селекции по 27 биоморфологическим признакам, включающим в себя характеристики соответственно регламенту регистрации гибридов, установленному Государственной комиссией Российской Федерации по испытанию и охране селекционных достижений (ФГБУ «Госсорткомиссия»).

Ключевые слова

Сахарная свекла, микросателлитные локусы, праймеры, ПЦР-анализ, фрагментный анализ, идентификация, генетический паспорт

Благодарности

Работа выполнена при финансовой поддержке МСХ в рамках выполнения поисковых исследований FGNU-2023–0001 – Разработка методики молекулярно-генетической идентификации и паспортизации гибридов сахарной свеклы с использованием микросателлитных маркеров.

Для цитирования

Налбандян А.А., Федулова Т.П., Черепухина И.В., Руденко Т.С., Мелентьева С.А. ДНК-профилирование и фенотипирование родительских компонентов и гибридов сахарной свеклы (*Beta vulgaris* L.) // Известия Тимирязевской сельскохозяйственной академии. 2025. № 5. С. 66–82.

GENETICS, BIOTECHNOLOGY, BREEDING AND SEED PRODUCTION

DNA profiling and phenotyping of sugar beet (*Beta vulgaris* L.) parental components and hybrids

Arpine A. Nalbandyan[✉], Tatiana P. Fedulova¹, Irina V. Cherepukhina¹, Tatiana S. Rudenko¹, Svetlana A. Melentyeva²

¹A.L. Mazlumov All-Russian Research Institute of Sugar Beet of Russian Agricultural Academy, Voronezh Region, Russia

²Experimental Scientific Station for Sugar Beet, Nesvizh, Minsk region, Belarus

✉Corresponding author: arpna@rambler.ru

Abstract

Using DNA profiling and phenotyping, 10 parental lines and 10 hybrids of sugar beet from domestic and Belarusian breeding programs were studied. Twelve microsatellite loci exhibited a high level of polymorphism information content (PIC), ranging from 0.55 to 0.83, with the highest value observed at locus Unigene 17623B (PIC = 0.83). Approximately 92% of loci across all samples possessed dominant alleles present in more than half of the samples. Among all alleles across all loci, about 55–60% were dominant (frequency > 50%), 25–30% were of intermediate frequency (20%–50%), and around 10–15% were rare alleles (frequency < 20%), indicating high conservation alongside maintained genetic diversity due to existing allelic variability. Cluster analysis performed based on the Jaccard distance matrix using the UPGMA algorithm in the PAST software delineated the 10 hybrids according to breeding groups (Ramonskaya, Lgovskaya, and Belarusian), parental relatedness, and ploidy level. The hybrid “Polibel” showed the lowest similarity to other hybrids (mean Jaccard index of 0.416), whereas the hybrid “Konkurs” exhibited the highest similarity (0.592) to the sample set. Based on genetic profiles obtained with a panel of polymorphic markers, unique molecular genetic passports were developed for the 10 hybrids. An evaluation of genotype data from the Ramonskaya, Lgovskaya, and Belarusian breeding programs was conducted over 27 biomorphological traits, including those characteristics regulated by the State Commission of the Russian Federation for Testing and Protection of Breeding Achievements (FSBI “Gossortkomissiya”) registration guidelines for hybrids.

Keywords

Sugar beet, microsatellite loci, primers, PCR-analysis, fragment analysis, identification, genetic passport

Acknowledgments

This research was funded by the Ministry of Agriculture, project number FGNU-2023–0001 entitled “Development of a Molecular Genetic Method for Identification and Passporting Methodology for Sugar Beet Hybrids Using Microsatellite Markers”.

For citation

Nalbandyan A.A., Fedulova T.P., Cherepukhina I.V., Rudenko T.S. et al. DNA profiling and phenotyping of sugar beet (*Beta vulgaris* L.) parental lines and hybrids. *Izvestiya of Timiryazev Agricultural Academy*. 2025. No. 5. P. 66–82.

Введение

Introduction

Создание высокопродуктивных конкурентоспособных гибридов сахарной свеклы особенно актуально в настоящее время ввиду необходимости повышения урожайности и качества этой культуры, а также обеспечения устойчивости к болезням и вредителям, что является важным для производства отечественного сахара и обеспечения продовольственной безопасности. Вместе с тем она является весьма трудной из-за двулетнего цикла развития культуры, перекрестного характера опыления, явления самонесовместимости. В настоящее время в РФ возделывается более 90% семян иностранных гибридов. Поэтому ускоренное создание новых, генетически улучшенных форм сахарной свеклы и высокопродуктивных, конкурентоспособных гибридов с использованием методов молекулярно-генетического маркирования является актуальным направлением исследований. Ученые-селекционеры ВНИИСС имени А.Л. Мазлумова ведут активную работу в этом направлении по созданию новых перспективных гибридов данной культуры. Так, в Госреестр селекционных достижений внесено 47 гибридов рамонской селекции. При регистрации новых гибридов сахарной свеклы используется фенотипическая оценка их по 27 биоморфологическим признакам. Но поскольку растения сахарной свеклы обладают ограниченным количеством морфологических признаков, для более точной, надежной и эффективной их идентификации во многих странах используются ДНК-маркеры, а именно микросателлитные (SSR) [1–9]. Молекулярно-генетические анализы по своей эффективности значительно превосходят классические методы, основанные в первую очередь на морфологическом изучении растений [10–14].

В настоящее время в Российской Федерации наблюдается нехватка эффективных методов идентификации и паспортизации генотипов сахарной свеклы. На других культурах – таких, как картофель, плодовые (яблоня, малина, груша, вишня, кабачок), уже разработаны такие методики. Сопоставление SSR-профилей номенклатурных стандартов и 66 образцов сортов картофеля, полученных из различных источников, позволило проверить их подлинность и однородность [15–18]. Молекулярно-генетический паспорт является надежным инструментом защиты авторских прав селекционеров [19].

Важной задачей является создание системы, которая бы позволяла идентифицировать и отслеживать семенной и посадочный материал на всех этапах его создания и реализации: от полевой селекции до его коммерческого использования [15].

Цель исследований: разработать и апробировать методику молекулярно-генетической идентификации и паспортизации родительских линий и гибридов сахарной свеклы с использованием микросателлитных маркеров.

Методика исследований

Research method

Эксперименты проводились на семенах родительских линий сахарной свеклы (раздельноплодные генотипы на основе цитоплазматической мужской стерильности, сростноплодные опылители, закрепители стерильности Оуэн (О-типа) и гибриды сахарной свеклы отечественной и белорусской селекций. На начальных этапах работы важными условиями являлись изучение и оценка выбранных растений на отличимость, однородность и стабильность (ООС) в соответствии с Методикой государственного сортоиспытания [20, 21].

Суммарную ДНК экстрагировали реагентами ДНК-Экстран-3 (Синтол, РФ) по алгоритму производителя. Условия классической полимеразно-цепной реакции оптимизировали в соответствии с химическими параметрами олигонуклеотидов.

Основываясь на литературных и собственных экспериментальных данных, в работе использовали 12 пар праймеров к микросателлитным локусам генома.

Целевые фрагменты амплифицировали с локус-специфичными (микросателлитными) праймерами группы Unigenes: Unigene 16898, Unigene 17623B, Unigene 26753, Unigene 17923, Unigene 27833 [4], FDSB1001, FDSB1033 [22], FDSB502–2, FDSB502–3 [1], Sb 09, Sb 04, Sb 15 [23], мечеными флуоресцентными красителями FAM, R6G, TAMRA и ROX (набор красителей Syntol-CK-5).

ПЦР-амплификацию проводили с помощью коммерческого набора GenPak PCR Core (Галарт-Диагностикум, Россия) по протоколам производителя в 20 мкл реакционной смеси в термоциклере с функцией выставления температурного градиента Simpli-Amp (By life technologies, Сингапур). Праймеры к микросателлитным локусам генома сахарной свеклы синтезированы в ООО «Синтол» (Москва, Россия). Полученные ампликоны идентифицировали методом высокоразрешающего капиллярного электрофореза в денатурирующих условиях на генетическом анализаторе G08 (ГТЗ, Китай). Общий объем реакционной смеси – 11 мкл: деионизованный формамид DIFA («Синтол», Россия) – 9,5 мкл; размерный стандарт СД-450 («Синтол», Россия) – 0,5 мкл; ПЦР-продукт – 1 мкл.

Размер полученных ПЦР-продуктов определяли с помощью программного обеспечения «Gene Mapper Software 6». В качестве размерного стандарта использован маркер молекулярного веса СД450, канал LIZ (ООО «Синтол»).

Индекс полиморфизма (polymorphism information content – PIC) SSR-маркеров был определен по методу, предложенному в работе [24].

Молекулярно-генетические экспериментальные исследования проведены в трех биологических повторностях.

Показатель генетического сходства между генотипами сахарной свеклы рассчитывали по Жаккару [25]. Кластерный анализ выполняли в программе PAST.

Результаты и их обсуждение

Results and discussion

В начале исследований была выполнена оценка 27 биоморфологических признаков, включенных в критерии на ООС у 10 гибридов сахарной свеклы. Анализ выявил определенные различия между гибридами по таким признакам, как форма и окраска листовой пластинки, форма корнеплода, окраска головки корнеплода и др. Однако, как отмечено выше, ограниченное число доступных биоморфологических признаков у сахарной свеклы затрудняет четкую и надежную идентификацию гибридов исключительно на их основе. Пример описания фенотипических признаков представлен для гибрида белорусской селекции Полибел (рис. 1).

Использование SSR-маркеров в сочетании с фенотипическими признаками представляется перспективным подходом для идентификации и дифференциации гибридов сахарной свеклы, что может быть полезным для целей селекции, семеноводства и защиты прав на сорта растений. Дальнейшие исследования, направленные на расширение набора используемых молекулярных маркеров и оптимизацию протоколов анализа, позволят повысить эффективность и надежность паспортизации гибридов сахарной свеклы.

Применяемые SSR-маркеры позволили установить индивидуальные молекулярно-генетические профили. Максимальное количество аллелей на SSR локус составило 4. Для микросателлитного локуса Unigene 17923B показана самая высокая величина информационного полиморфизма (PIC = 0,83).

Спектр выявленных ДНК-фрагментов и критерий полиморфизма выявленных аллелей изученных микросателлитных локусов лежат в приведенных ниже значениях: Unigene16898–256–285 п.н. (PIC = 0,81); Unigene17623B – 140–168 п.н. (PIC = 0,83);

Unigene26753–287–301 п.н. (PIC = 0,69); Unigene17923–177–209 п.н. (PIC = 0,80); Unigene27833–185–207 п.н. (PIC = 0,73); FDSB1001–295–348 п.н. (PIC = 0,71); FDSB1033–175–219 п.н. (PIC = 0,69); FDSB502–2–106–154 п.н. (PIC = 0,66); FDSB502–3–222–240 п.н. (PIC = 0,55); SB09–123–133 п.н. (PIC = 0,57); SB04–172–184 п.н. (PIC = 0,57); SB15–140–168 п.н. (PIC = 0,77). Изученные 12 пар праймеров к микросателлитным локусам генома сахарной свеклы выявили достаточно высокий уровень полиморфизма (PIC) от 0,55 по FDSB502–3 до 0,83 по Unigene 17623B. Все растения сахарной свеклы из выборки изучаемых гибридов и некоторых родительских компонентов обладают индивидуальным паттерном (комбинации аллелей), то есть генотипспецифичными аллельными вариантами, что является эталоном при сравнении и идентификации растений неизвестных гибридов со стандартом (табл. 1).

Изучение микросателлитной вариабельности генома растительных организмов, то есть идентификацию полученных ампликонов, более целесообразно проводить методом высокоразрешающего капиллярного электрофореза на генетических анализаторах. Метод фрагментного анализа подразумевает амплификацию целевых фрагментов с локус-специфичными (микросателлитными) праймерами, меченными флуоресцентными красителями.

Важным этапом методики генетической паспортизации является оценка внутрелинейного ДНК-полиморфизма. Исходя из этого, судят об однородности генотипов родительских линий и гибридов. При оценке ДНК-полиморфизма между гибридами возможно использование «микс-образца» [26]. Первоначально осуществляют SSR-анализ каждого генотипа с применением 5 наиболее полиморфных микросателлитных маркеров для определения однородности линейного или гибридного материала. В случае однородности проводят анализ образца ДНК из общей навески («микс-образец») по остальным маркерам. При различии ДНК-паттернов индивидуальных генотипов судят о гетерогенности гибрида [27].

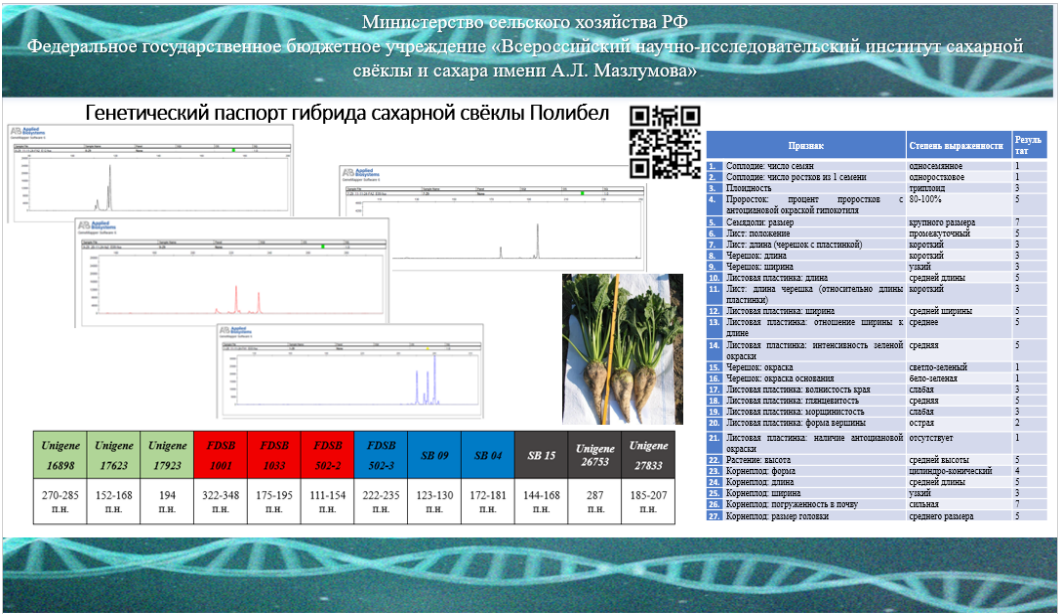


Рис. 1. Генетический паспорт гибрида сахарной свеклы Полибел (РУП «Опытная научная станция по сахарной свекле», Беларусь)

Figure 1. . Genetic passport of the sugar beet hybrid “Polibel” (Experimental Scientific Station for Sugar Beet, Belarus)

Таблица 1
Тестирование по SSR-маркерам родительских компонентов и гибридов сахарной свеклы на однородность
Table 1

Assessment of homogeneity in sugar beet parental lines and hybrids using SSR markers

Генотип	unigene 16898	unigene 17623B	unigene 26753	unigene 17923	unigene 27833	FDSB1001	FDSB1033	FDSB 502-2	FDSB 502-3	SB09	SB04	SB15
PMC127 F1	256/270/272/280	153/161	287	182/189/199/209	205/207	312/330	175/192/195	106/111/117	222/240	123/130/133	181/184	140/148/164
MC-форма	256/270/280	153/161/165	287	182/185/189	195/200/207	312/330	175/192/195	111/117/154	222/240	123/130	181/184	148/169
MC-форма	270/280	161	287/301	182/189/209	195/207	312/330	175/192	111/117	222/240	123/130	181/184	140/144/148
MC-форма	270/280	161	287	182	195/207	312/330	175/192	111/117	222/240	123/130/133	181/184	140/144/148
ОП	270/272	165	287	182/189/209	205/207	312/330	175/195	111/117	222/240	123/130	181/184	144/148/154/164
PMC133 F1	270/280	159	287	189/209	195/207	312/330	175/192	111/154	222/240	123/130	181/184	140/148
MC-форма	272/280	151/161/165	287	0	195/207	312/322/330	175/192	111	240	123/130	181/184	140/144/148
MC-форма	270/280/285	161	287/301	0	185/195/205	312/322/330	175/192/195	111/117/154	222/231/240	123/130/133	181/184	140/148
MC-форма	270/280	159	287	177	195/205	312/322/330	175/192/195	111/154	222/240	123/130	181/184	148/164
ОП	270/272	159	287	0	185/205	312/330	175/192/195/219	111/117/154	222/240	123/130	172/181	140/148/154/168
О-тип	272/276	161	287	0	195/205/207	330	175/192/219	111/154	222/240	123/130	181/184	140/148
О-тип	270	161	287/301	0	195/207	312/320/330/348	175/192	111/154	222/240	123/130	181/184	140/144/148
О-тип	270/285	159	287	0	195/207	330	175/195	111/154	222/240	123/130	181/184	140/148

При наличии 5 и большего количества биотипов с различающимся аллельным составом проведение идентификации гибрида (образца) будет нецелесообразным. Далее выполняется оценка на чистоту и однородность родительских линий сахарной свеклы по 12 полиморфным микросателлитным маркерам.

Результаты проведенных молекулярно-генетических исследований родительских форм гибридов сахарной свеклы РМС 127 и РМС 133 свидетельствует о достаточной генетической выравненности их по изученным микросателлитным локусам.

Среди всех аллелей на исследованных локусах около 55–60% оказались доминантными (частота встречаемости >50%), что свидетельствует о микросателлитной стабильности генома сахарной свеклы. В проанализированных образцах присутствовало 25–30% аллелей со средней частотой от 20 до 50% и 10–15% аллелей с редкой частотой встречаемости – менее 20%. В совокупности можно сделать вывод о высокой консервативности геномов исследуемых генотипов сахарной свеклы за счет высокого процента доминантных аллелей при одновременном сохранении генетического разнообразия в присутствии аллелей средней частоты и редких аллелей.

По результатам ПЦР-анализа разработаны молекулярно-генетические формулы, которые стали основой для составления генетических паспортов родительских форм и гибридов сахарной свеклы, включающие в себя данные об оригинаторе, происхождении гибридов, основных биоморфологических признаках, детектированных аллелях микросателлитных локусов. Также идентифицированные ДНК-фрагменты позволяют вычислять генетическое сходство между исследованными образцами (табл. 2), методом кластерного анализа строить дендрограммы предполагаемых эволюционных взаимодействий [2] (рис. 2).

Таблица 2

Матрица генетического сходства (по Жаккару) гибридов сахарной свеклы

Table 2

Genetic similarity matrix (Jaccard index) of sugar beet hybrids

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
1	1	0,56	0,5	0,56	0,48	0,52	0,33	0,36	0,34	0,47
2	0,56	1	0,56	0,58	0,47	0,51	0,30	0,42	0,37	0,42
3	0,50	0,56	1	0,56	0,41	0,48	0,33	0,47	0,37	0,43
4	0,56	0,58	0,56	1	0,63	0,63	0,33	0,48	0,50	0,48
5	0,48	0,47	0,41	0,63	1	0,87	0,36	0,42	0,51	0,66
6	0,52	0,51	0,48	0,63	0,87	1	0,36	0,50	0,43	0,62
7	0,33	0,30	0,33	0,33	0,36	0,36	1	0,35	0,35	0,45
8	0,36	0,42	0,47	0,48	0,42	0,50	0,35	1	0,62	0,56
9	0,34	0,37	0,37	0,50	0,51	0,43	0,35	0,62	1	0,54
10	0,47	0,42	0,43	0,48	0,66	0,62	0,45	0,56	0,54	1

Обозначения: 1 – РМС 129; 2 – РМС 127; 3 – РМС 133; 4 – РМС 137; 5 – Финал; 6 – Конкурс; 7 – Полибел; 8 – Алеся; 9 – Алиция; 10 – Белпол.

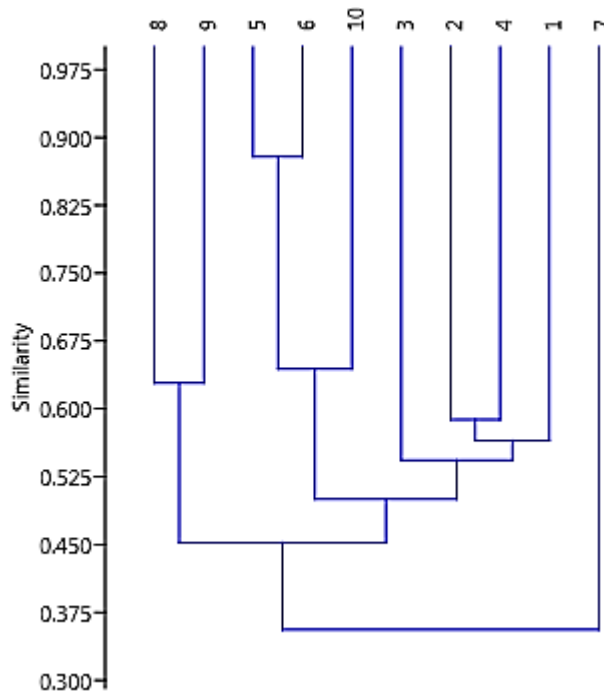


Рис. 2. Генетическое сходство гибридов сахарной свеклы на основе бинарной меры сходства по Жаккару:
1 – РМС 129; 2 – РМС 127; 3 – РМС 133; 4 – РМС 137; 5 – Финал;
6 – Конкурс; 7 – Полибел; 8 – Алеся; 9 – Алиция; 10 – Белпол

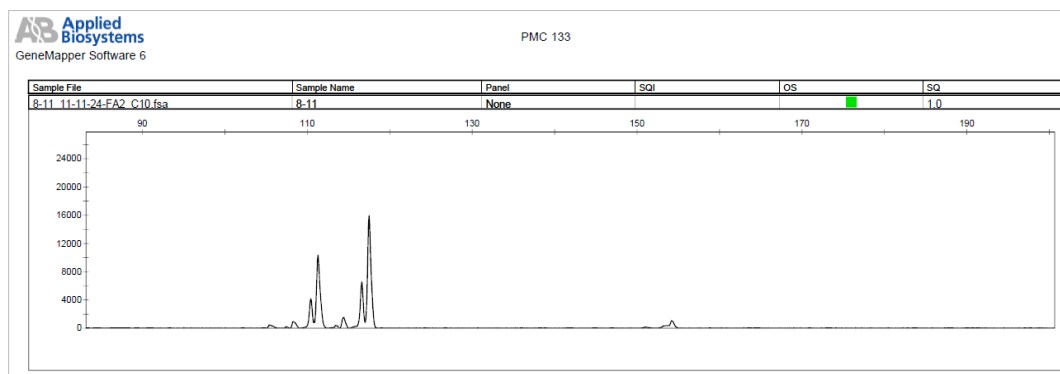
Figure 2. Genetic similarity among sugar beet hybrids based on Jaccard's binary similarity coefficient:
1 – RMS129; 2 – RMS127; 3 – RMS133, 4 – RMS137; 5 – Final;
6 – Konkurs; 7 – Polibel; 8 – Alesya; 9 – Alitsiya; 10 – Belpol

С помощью программного обеспечения PAST проанализированы полученные результаты генотипирования, на основании чего составлены бинарные матрицы для каждой комбинации праймеров, определены индексы генетического сходства Жаккара [25] для попарного сравнения гибридов, а затем составлена дендрограмма методом UPGMA, проведена их кластеризация и установлены предполагаемые родственные связи.

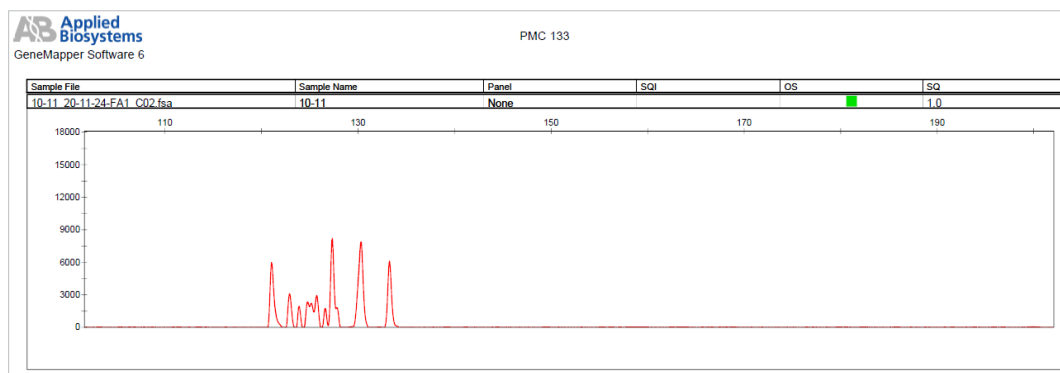
Анализируя результаты кластерного анализа, важно отметить, что на представленной дендрограмме гибриды сахарной свеклы Рамонского происхождения: РМС 129, РМС 127, РМС 133, РМС 137 – объединяются в отдельную группу, что свидетельствует об их генетической близости по изученным микросателлитным маркерам. Отдельные группы также составляют гибриды Льговской селекции Конкурс и Финал и гибриды белорусской селекции Алеся и Алиция, так как они имеют в своем генетическом составе близкородственные формы с цитоплазматической мужской стерильностью и сростноплодные опылители и повышенное значение коэффициента сходства Жаккара ($K_j = 0,62$). Примечателен тот факт, что триплоидные ($3n = 27$) Льговские гибриды Финал и Конкурс находятся в одном объединяющем кластере, и с ними кластеризуется также триплоидный гибрид совместной белорусско-польской селекции Белпол ($3n = 27$), что объясняется их полиплоидной природой. Пониженными значениями бинарной меры сходства по Жаккару в пределах $K_j = 0,33-0,45$ со всеми

изученными генотипами сахарной свеклы характеризуется гибрид белорусско-польской селекции Полибел.

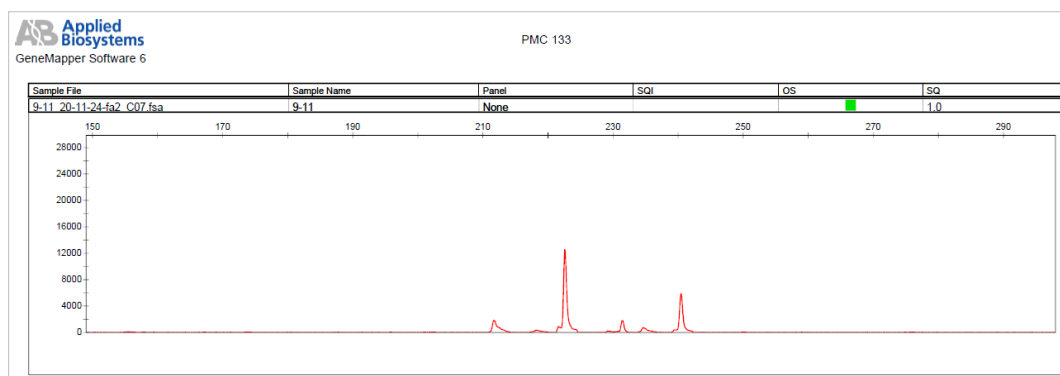
Анализ молекулярно-генетических данных. Длину полученных ДНК-фрагментов, образованных при амплификации с вышеуказанными SSR-маркерами, устанавливали при помощи ПО «GeneMapper Software» (рис. 3).



a



б



в

Рис. 3. Электрофореграмма ПЦР-продуктов гибрида сахарной свеклы PMC 133 микросателлитных локусов:

a – FDSB502–2; б – FDSB502–3; в – Sb09

Figure 3. Electropherogram of PCR products from 2 of the sugar beet hybrid RMS133 of microsatellite locuses:

a – FDSB502–2; b – FDSB502–3; c – Sb09

Осуществляли детекцию генотипов в зависимости от присутствия/отсутствия в геноме изучаемого растения сахарной свеклы определенных аллелей в данном микросателлитном локусе. Далее составляли двоичную таблицу (матрицу) согласно полученным данным, где наличие ДНК-ампликона указывалась цифрой 1, отсутствие определялось цифрой 0. Составленная таблица служит основой для отбора информативных микросателлитных маркеров и создания молекулярно-генетических паспортов. Составленные молекулярно-генетические формулы являются основой генетического паспорта, содержащего также информацию о происхождении образца, регионах возделывания, об основных фенотипических признаках и о составе аллелей в отдельных SSR-локусах генома.

Пример молекулярно-генетических формул генотипов сахарной свеклы с использованием панели SSR-маркеров приведен в таблице 3.

Таким образом, с использованием панели 12 полиморфных SSR-маркеров разработаны молекулярно-генетические паспорта для 18 перспективных гибридов сахарной свеклы.

Таблица 3

Молекулярно-генетические формулы изученных гибридов сахарной свеклы и родительских компонентов

Table 3

Molecular genetic profiles of the studied sugar beet hybrids and parental lines

№	Гибриды и родительские компоненты	Молекулярно-генетические формулы
1	PMC 129 F1	$A_{268/270/285}B_{151/161}C_{287}D_{182/199/209}E_{185/195/207}F_{312/328}G_{175/192/195}$ $H_{111/117}I_{222/240}J_{123/130}K_{181/184}L_{140/148}$
2	PMC 129 МС-форма	$A_{256/270/280}B_{140/161}C_{287}D_{182/190/209}E_{195/207}F_{312/330}G_{175/192/195}H_{117/154}$ $I_{222/240}J_{123/130/133}K_{181/184}L_{140/148}$
3	PMC 129 ОП	$A_{256/270/280}B_{153/161}C_{287/301}D_{182/209}E_{185/195/202}F_{312}G_{175/192/195}$ $H_{111/117}I_{222/240}J_{123/130}K_{172/181}L_{140/148}$
4	PMC 127 F1	$A_{256/270/274/280}B_{153/161}C_{287}D_{182/189//199/209}E_{205/207}F_{312/330}G_{175/192/195}$ $H_{106/111/117}I_{222/240}J_{123/130/133}K_{181/184}L_{140/148/164}$
5	PMC 127 МС-форма	$A_{256/270/280}B_{153/161/165}C_{287}D_{182/185/189}E_{195/200/207}F_{312/330}G_{175/192/195}$ $H_{111/117/154}I_{222/240}J_{123/130}K_{181/184}L_{148/169}$
6	PMC 127 ОП	$A_{270/272}B_{165}C_{287}D_{182/189/209}E_{205/207}F_{312/330}G_{175/195}H_{111/117}I_{222/240}$ $J_{123/130}K_{181/184}L_{144/148/154/164}$
7	PMC 133 F1	$A_{266}B_{161}C_{287}D_{185/189/199/209}E_{195/205/207}F_{312/330}G_{175/192}H_{111/117/154}$ $I_{222/240}J_{123/130}K_{172/181}L_{140/148/164/168}$
8	PMC 133 МС-форма	$A_{272}B_{159}C_{287}D_{189}E_{195/207}F_{312/330}G_{175/192/195}H_{111/117/154}I_{222/240}$ $J_{123/130}K_{181/184}L_{140/148}$
9	PMC 133 ОП	$A_{253/266}B_{157}C_{287}D_{182}E_{195/207}F_{312/322/330}G_{175/192}H_{111/117}I_{222/240}$ $J_{123/130/133}K_{181/184}L_{140/148/164}$

10	РМС 133 О-тип	$A_{266/270/274} B_{156/159} C_{287} D_{189/209} E_{195/207} F_{312/330} G_{175/192} H_{111/117} I_{222/240}$ $J_{123/130} K_{181/184} L_{140/148/164/168}$
11	РМС 137 F1	$A_{270/280} B_{159} C_{287} D_{189/209} E_{195/207} F_{312/330} G_{175/192} H_{111/154} I_{222/240}$ $J_{123/130} K_{181/184} L_{140/148}$
12	РМС 137 МС-форма	$A_{272/280} B_{151/161/165} C_{287} D_{189/205} E_{195/207} F_{312/322/330} G_{175/192} H_{111} I_{240}$ $J_{123/130} K_{181/184} L_{140/144/148}$
13	РМС 137 ОП	$A_{270/272} B_{159} C_{287} D_{185/205} E_{195/207} F_{312/330} G_{175/192/195/219} H_{111/117/154} I_{222/240}$ $J_{123/130} K_{172/181} L_{140/148/154/168}$
14	РМС 137 О-тип	$A_{272/276} B_{161} C_{287} D_{189/205/207} E_{195/207} F_{330} G_{175/192/219} H_{111/154} I_{222/240}$ $J_{123/130} K_{181/184} L_{140/148}$
15	Финал	$A_{270/272/280} B_{149/159/165} C_{287} D_{182} E_{185/195/207} F_{295/312/330/348} G_{175/192/195/219}$ $H_{111/154} I_{222/240} J_{123/130} K_{181/184} L_{140/148/154/164}$
16	Конкурс	$A_{270/280} B_{149/159/165} C_{287} D_{182/185} E_{185/195/207} F_{295/312/330/348} G_{175/192/195/219}$ $H_{111/117/154} I_{222/240} J_{123/130} K_{181/184} L_{140/148/164}$
17	Полибел	$A_{270/280/285} B_{152/161/168} C_{287} D_{194} E_{185/195/205} F_{322/330/348} G_{175/195} H_{111/154}$ $I_{222/235} J_{123/130} K_{172/181} L_{144/168}$
18	Алеся	$A_{257/270/280} B_{151/159} C_{287/301} D_{185/189/209} E_{185/205/207} F_{295/312/322/330} G_{192}$ $H_{111/117/154} I_{222/240} J_{123/130} K_{181/184} L_{144/164/168}$
19	Алиция	$A_{270/272/280} B_{151/159/168} C_{287/301} D_{189} E_{185/195/205/207} F_{295/312/330} G_{192} H_{111/154}$ $I_{222/248} J_{123/130/133} K_{181/184} L_{148/154/158/168}$
20	Белпол	$A_{270/272/285} B_{149/157/159} C_{287} D_{189} E_{185/195/205/207} F_{295/312/322/330} G_{175/192/195}$ $H_{111/117/154} I_{222/240} J_{123/130} K_{181/184} L_{144/154/164}$

Примечание. Латинскими буквами обозначены маркеры: **A** – Unigene 16898; **B** – Unigene 17623; **C** – Unigene 26753; **D** – Unigene 17923; **E** – Unigene 27833; **F** – FDSB1001; **G** – FDSB1033; **H** – FDSB502–2; **I** – FDSB502–3; **J** – Sb09; **K** – Sb04; **L** – Sb15. Цифровой индекс указывает размер выявленных аллелей в парах нуклеотидов.

Выводы Conclusions

Разработана система ДНК-идентификации и генетической паспортизации генотипов сахарной свеклы по панелям 12 перспективных информативных молекулярных маркеров (SSR-маркеры). Для нескольких родительских линий и гибридов изучаемой культуры составлены уникальные молекулярно-генетические формулы, в которых отображаются аллельный состав микросателлитных локусов и полиморфизм фрагментов амплификации.

На основе разработанной маркерной системы созданы генетические паспорта для 18 генотипов районированных гибридов сахарной свеклы и 10 родительских линий. Сравнение анализируемого образца с эталонным ДНК-паспортом облегчит решение таких задач, как генетическая идентификация и контроль чистоты гибридов, а также соответствия семенного материала заявленному гибриду.

Все представленные авторами методы – такие, как способ выделения ДНК из семян, проростков, листовых пластинок, корнеплодов на основе «микс-стратегии», модифицированные условия ПЦР, детекции и анализа результатов, адаптированы для сахарной свеклы, считаются универсальными для идентификации и паспортизации образцов.

Подводя итоги проделанной работы, можно сформулировать следующие выводы:

1. Выявленное с использованием панели 12 полиморфных SSR-маркеров молекулярно-генетическое разнообразие гибридов сахарной свеклы показало четкое разграничение между гибридами сахарной свеклы различного происхождения.

2. С помощью кластерного анализа обнаруживается наличие родственных связей между гибридами, которые созданы разными исследовательскими группами, использующими близкородственные исходные материалы своих учреждений (Рамонские, Львовские, Белорусские). Полученные результаты молекулярно-генетического анализа соответствуют генеалогическим характеристикам.

3. С использованием молекулярно-генетических формул отобранных маркеров возможно создание генетических паспортов отечественных и зарубежных гибридов сахарной свеклы.

Таким образом, комбинация фенотипических данных и молекулярно-генетических маркеров обеспечила более полную и точную паспортизацию гибридов сахарной свеклы (рис. 1).

Список источников

1. Шалаева Т.В., Анискина Ю.В., Колобова О.С. и др. Исследование микросателлитных локусов генома сахарной свеклы (*Beta vulgaris* L. ssp. *vulgaris*) для создания технологии генетического анализа линий и гибридов // *Сельскохозяйственная биология*. 2023. № 58 (3). С. 483–493. <https://doi.org/10.15389/agrobiology.2023.3.483rus>

2. Налбандян А.А., Федуллова Т.П., Черепухина И.В. и др. Молекулярно-генетическая идентификация и паспортизация гибридов сахарной свеклы с использованием микросателлитных маркеров // *Известия Тимирязевской сельскохозяйственной академии*. 2024. № 4. С. 70–88. <https://doi.org/10.26897/0021-342X-2024-4-70-88>

3. Smulders M., Esselink G., Danny G. et al. Characterisation of Sugar Beet (*Beta vulgaris* L. ssp. *vulgaris*) Varieties Using Microsatellite Markers. *BMC Genetics*. 2010;11:41. <https://doi.org/10.1186/1471-2156-11-41>

4. Fugate K., Fajardo D., Schlautman B. et al. Generation and Characterization of a Sugar Beet Transcriptome and Transcript-based SSR Markers. *The Plant Genome*. 2014;7(2). Pp. 1-13. <https://doi.org/10.3835/plantgenome2013.11.0038>

5. Mason A.S. SSR Genotyping. *Methods Mol Biol*. 2015;1245:77-89. https://doi.org/10.1007/978-1-4939-1966-6_6

6. Yang J., Zhang J., Han R. et al. Target SSR-Seq: A Novel SSR Genotyping Technology associate with perfect SSRs in genetic analysis of cucumber varieties. *Front. Plant Sci*. 2019;10:531. <https://doi.org/10.3389/fpls.2019.00531>

7. Liuhuizi D., Zhi P., Zedong W. Construction of SSR Fingerprint and Analysis of Genetic Diversity of Sugar Beet Varieties. *J. Crops*. 2021;37(5):72-78. <https://doi.org/10.16035/j.issn.1001-7283.2021.05.011>

8. Amangeldiyeva A., Daniyarova A., Tabynbayeva L. et al. Assessment of the Genetic Diversity in Sugar Beet (*Beta vulgaris* L.) Using SSR Markers. *SABRAO J. Breed. Genet*. 2023;55(5):1616-1628. <https://doi.org/10.54910/sabrael2023.55.5.15>

9. Celik I. Genome-wide Development and Physical Mapping of SSR Markers in Sugar Beet (*Beta vulgaris* L.). *Journal of the Institute of Science and Technology*. 2023;13(1):112-119. <https://doi.org/10.21597/jist.1187003>
10. Nadeem M., Nawaz M., Shahid M. DNA Molecular Markers in Plant Breeding: Current Status and Recent Advancements in Genomic Selection and Genome Editing. *Biotechnol. Biotechnol. Equip.* 2018;32(2):261-285. <https://doi.org/10.1080/13102818.2017.1400401>
11. Taheri S., Abdullah L., Yusop M. et al. Mining and Development of Novel SSR Markers Using Next Generation Sequencing (NGS) Data in Plants. *Molecules*. 2018;23(2):399. <https://doi.org/10.3390/molecules23020399>
12. Nalbandyan A.A., Fedulova T.P., Kryukova T.I., Cherepukhina I.V., Kulikova N.V. Polymorphic microsatellite markers to study sugar beet's (*Beta vulgaris* L.) genetic diversity. *Russian Agricultural Sciences*. 2023;49:1-7. <https://doi.org/10.3103/S1068367423010123>
13. Testolin R., Messina R., Cipriani G., De Mori G. SSR-based DNA Fingerprinting of Fruit Crops. *Hortic. Rev.* 2023;63(2):390-459. <https://doi.org/10.1002/csc2.20896>
14. Shavrukov Y., Hinrichsen P., Watanabe S. Editorial: Plant Genotyping: from Traditional Markers to Modern Technologies. *Front. Plant Sci.* 2024;15:1419798. <https://doi.org/10.3389/fpls.2024.1419798>
15. Янковская А.А., Князева И.В., Упадышев М.Т. Молекулярное маркирование и генетическая паспортизация: использование в селекции, биотехнологии и идентификации садовых культур // *Садоводство и виноградарство*. 2019. № 5. С. 5–11. <https://doi.org/10.31676/0235-2591-2019-5-11>
16. Рыбаков Д.А., Антонова О.Ю., Чухина И.Г. и др. Номенклатурные стандарты и генетические паспорта сортов картофеля селекции Всероссийского научно-исследовательского института картофеля им. А.Г. Лорха // *Биотехнология и селекция растений*. 2020. № 3 (4). С. 5–52. <https://doi.org/10.30901/2658-6266-2020-4-01>
17. Yin J., Zhao H., Wu X. et al. SSR Marker-based Analysis for Identification and of Genetic Diversity of Non-heading Chinese Cabbage Varieties. *Front. Plant Sci.* 2023;14:1112748. <https://doi.org/10.3389/fpls.2023.1112748>
18. Sato S., Isobe S., Asamizu E., Ohmido N., Kataoka R., Nakamura Y., Kaneko T., Sakurai N., Okumura K., Klimenko I., Sasamoto S., Wada T., Watanabe A., Kohara M., Fujishiro T., Tabata S. Comprehensive structural analysis of the genome of red clover (*Trifolium pratense* L.). *DNA Res.* 2005;12(5):301-364. <https://doi.org/10.1093/dnares/dsi018>
19. Базанов Т.А., Ущеповский И.В., Логинова Н.Н., Смирнова Е.В., Михайлова П.Д. Молекулярно-генетическое разнообразие сортов льна (*Linum usitatissimum* L.), представленных в Госреестре селекционных достижений Российской Федерации // *Труды по прикладной ботанике, генетике и селекции*. 2023. № 184 (1). С. 163–176. <https://doi.org/10.30901/2227-8834-2023-1-163-176>
20. Макаров А.М. Фенотипическая изменчивость морфобиологических признаков в селекции сахарной свеклы: Дис. ... канд. с.-х. наук. Воронеж, 2004. 126 с.
21. Desai S., Ramesh S., Vijayanthi P., Mohan R. SSR markers assay-based establishment of distinctness, uniformity and stability of dolichos bean [*Lablab purpureus* (L.) Sweet var. *Lignosus*] advanced breeding lines and elite germplasm accessions. *Genet Resour Crop Evol.* 2021;68:1309-1314. <https://doi.org/10.1007/s10722-021-01128-1>

22. McGrath J.M., Trebbi D., Fenwick A., Panella L., Schulz B., Laurent V., Barnes S., Murray S. An open-source first-generation molecular genetic map from a sugarbeet x table beet cross and its extension to physical mapping. *Plant Gen.* 2007;1:27-44. <https://doi.org/10.2135/cropsci2006-05-0339tpg>
23. Richards Ch., Brownson M., Mitchell Sh., Kresovich S., Panella L. Polymorphic microsatellite markers for inferring diversity in wild and domesticated sugar beet (*Beta vulgaris* L.). *Mol. Ecol. Notes.* 2004;4:243-245. <https://doi.org/10.1111/j.1471-8286.2004.00630.x>
24. Botstein D. A theory of modular evolution for bacteriophages. *Ann N Y Acad Sci.* 1980;354(1):484-491. <https://doi.org/10.1111/j.1749-6632.1980.tb27987.x>
25. Zhang S., Wu X., You Z. Jaccard distance based weighted sparse representation for coarse-to-fine plant species recognition. *PLoS ONE.* 2017;12(6): e0178317. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0178317>
26. Fu Y.Bi. Applications of bulking in molecular characterization for plant germplasm: a critical review. *Plant Genet. Res.* 2003;1(2-3):161-167. <https://doi.org/10.1079/PGR20032>
27. Клименко И.А., Козлов Н.Н., Костенко С.И., Шамустакимова А.О. и др. Идентификация и паспортизация сортов кормовых трав (клевера лугового, люцерны изменчивой, посевной и хмелевидной) на основе ДНК-маркеров: Методические рекомендации. Москва: Угреша Т, 2020. 35 с.

References

1. Shalaeva T.V., Aniskina Yu.V., Kolobova O.S., Velishaeva N.S. et al. Investigation of the sugar beet (*Beta vulgaris* L. ssp. *vulgaris*) microsatellite loci structure to develop a technology for genetic analysis of sugar beet lines and hybrids. *Agricultural Biology.* 2023;58(3):483-493. (In Russ.) <https://doi.org/10.15389/agrobiol.2023.3.483rus>
2. Nalbandyan A.A., Fedulova T.P., Cherepukhina I.V., Rudenko T.S. et al. Molecular genetic identification and certification of sugar beet hybrids using microsatellite markers. *Izvestiya of Timiryazev Agricultural Academy.* 2024;(4):70-88. (In Russ.) <https://doi.org/10.26897/0021-342X-2024-4-70-88>
3. Smulders M., Esselink G., Danny G., Riek J. et al. Characterisation of Sugar Beet (*Beta vulgaris* L. ssp. *vulgaris*) Varieties Using Microsatellite Markers. *BMC Genetics.* 2010;11:41. <https://doi.org/10.1186/1471-2156-11-41>
4. Fugate K., Fajardo D., Schlautman B., Ferrareze J.P. et al. Generation and Characterization of a Sugar Beet Transcriptome and Transcript-based SSR Markers. *The Plant Genome.* 2014;7(2):1-13. <https://doi.org/10.3835/plantgenome2013.11.0038>
5. Mason A.S. SSR Genotyping. *Methods Mol Biol.* 2015;1245:77-89. https://doi.org/10.1007/978-1-4939-1966-6_6
6. Yang J., Zhang J., Han R., Zhang F. et al. Target SSR-Seq: A Novel SSR Genotyping Technology associate with perfect SSRs in genetic analysis of cucumber varieties. *Front. Plant Sci.* 2019;10:531. <https://doi.org/10.3389/fpls.2019.00531>
7. Liuhuizi D., Zhi P., Zedong W. Construction of SSR Fingerprint and Analysis of Genetic Diversity of Sugar Beet Varieties. *J. Crops.* 2021;37(5):72-78. <https://doi.org/10.16035/j.issn.1001-7283.2021.05.011>
8. Amangeldiyeva A., Daniyarova A., Tabybayeva L., Bastaubayeva S. et al. Assessment of the Genetic Diversity in Sugar Beet (*Beta vulgaris* L.) Using SSR Markers. *SABRAO J. Breed. Genet.* 2023;55(5):1616-1628. <https://doi.org/10.54910/sabao2023.55.5.15>

9. Celik I. Genome-wide Development and Physical Mapping of SSR Markers in Sugar Beet (*Beta vulgaris* L.). *Journal of the Institute of Science and Technology*. 2023;13(1):112-119. <https://doi.org/10.21597/jist.1187003>
10. Nadeem M., Nawaz M., Shahid M. DNA Molecular Markers in Plant Breeding: Current Status and Recent Advancements in Genomic Selection and Genome Editing. *Biotechnol. Biotechnol. Equip.* 2018;32(2):261-285. <https://doi.org/10.1080/13102818.2017.1400401>
11. Taheri S., Abdullah L., Yusop M., Hanafi M. et al. . Mining and Development of Novel SSR Markers Using Next Generation Sequencing (NGS) Data in Plants. *Molecules*. 2018;23(2):399. <https://doi.org/10.3390/molecules23020399>
12. Nalbandyan A.A., Fedulova T.P., Kryukova T.I., Cherepukhina I.V. et al. Polymorphic microsatellite markers to study sugar beet's (*Beta vulgaris* L.) genetic diversity. *Russian Agricultural Sciences*. 2023;49:1-7. <https://doi.org/10.3103/S1068367423010123>
13. Testolin R., Messina R., Cipriani G., De Mori G. SSR-based DNA Fingerprinting of Fruit Crops. *Hortic. Rev.* 2023;63(2):390-459. <https://doi.org/10.1002/csc2.20896>
14. Shavrukov Y., Hinrichsen P., Watanabe S. Editorial: Plant Genotyping: from Traditional Markers to Modern Technologies. *Front. Plant Sci.* 2024;15:1419798. <https://doi.org/10.3389/fpls.2024.1419798>
15. Yankovskaya A.A., Knyazeva I.V., Upadishev M.T. Molecular marking and genetic certification: application in plant breeding, biotechnology and identification of horticultural crops. *Horticulture and Viticulture*. 2019;(5):5-11. (In Russ.) <https://doi.org/10.31676/0235-2591-2019-5-11>
16. Rybakov D.A., Antonova O.Yu., Chukhina I.G., Fomina N.A. et al. Nomenclatural standards and genetic passports of potato cultivars bred in the A.G. Lorkh All-Russian Research Institute of Potato Farming. *Biotehnologiya i selekciya rastenij*. 2020;3(4):5-52. (In Russ.) <https://doi.org/10.30901/2658-6266-2020-4-o1>
17. Yin J., Zhao H., Wu X., Ma Y. et al. SSR Marker-Based Analysis for Identification and of Genetic Diversity of Non-Heading Chinese Cabbage Varieties. *Front. Plant Sci.* 2023;14:1112748. <https://doi.org/10.3389/fpls.2023.1112748>
18. Sato S., Isobe S., Asamizu E., Ohmido N. et al. Comprehensive Structural Analysis of the Genome of Red Clover (*Trifolium pratense* L.). *DNA Res.* 2005;12(5):301-364. <https://doi.org/10.1093/dnares/dsi018>
19. Bazanov T.A., Ushapovskiy I.V., Loginova N.N., Smirnova E.V. et al. Molecular genetic diversity of flax cultivars (*Linum usitatissimum* L.) represented in the State Register for Breeding Achievements of the Russian Federation. *Proceedings on Applied Botany, Genetics and Breeding*. 2023;184(1):163-176. (In Russ.) <https://doi.org/10.30901/2227-8834-2023-1-163-176>
20. Makarov A.M. *Phenotypic variability of morphobiological traits in sugar beet breeding*: CSc (Ag) thesis. Voronezh, Russia, 2004:126. (In Russ.)
21. Desai S., Ramesh S., Vijayanthi P., Mohan R. SSR Markers Assay-Based Establishment of Distinctness, Uniformity and Stability of Dolichos Bean [*Lablab purpureus* (L.) Sweet var. *Lignosus*] Advanced Breeding Lines and Elite Germplasm Accessions. *Genet Resour Crop Evol.* 2021;68:1309-1314. <https://doi.org/10.1007/s10722-021-01128-1>
22. McGrath J.M., Trebbi D., Fenwick A., Panella L. et al. An Open-Source First-Generation Molecular Genetic Map from a Sugarbeet x Table Beet Cross and Its Extension to Physical Mapping. *Plant Gen.* 2007;1:27-44. <https://doi.org/10.2135/cropsci2006-05-0339tpg>

23. Richards Ch., Brownson M., Mitchell Sh., Kresovich S., Panella L. Polymorphic Microsatellite Markers for Inferring Diversity in Wild and Domesticated Sugar Beet (*Beta vulgaris* L.). *Mol. Ecol. Notes*. 2004;4:243-245. <https://doi.org/10.1111/j.1471-8286.2004.00630.x>
24. Botstein D. A theory of Modular Evolution for Bacteriophages. *Ann N Y Acad Sci*. 1980;354(1):484-90. <https://doi.org/10.1111/j.1749-6632.1980.tb27987.x>
25. Zhang S., Wu X., You Z. Jaccard Distance Based Weighted Sparse Representation for Coarse-to-Fine Plant Species Recognition. *PLoS ONE*. 2017;12(6): e0178317. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0178317>
26. Fu Y.Bi. Applications of Bulking in Molecular Characterization for Plant Germplasm: A Critical Review. *Plant Genet. Res.* 2003;1(2-3):161-167. <https://doi.org/10.1079/PGR20032>
27. Klimenko I.A., Kozlov N.N., Kostenko S.I., Shamustakimova A.O. et al. Identification and certification of forage grass varieties (meadow clover, variable alfalfa, common alfalfa and hop grass) based on DNA markers. *Guidelines*. Moscow, Russia: Ugresha T, 2020:35. (In Russ.)

Сведения об авторах

Арпине Артаваздовна Налбандян, канд. биол. наук, ведущий научный сотрудник, заведующий лабораторией маркер-ориентированной селекции, Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Всероссийский научно-исследовательский институт сахарной свеклы и сахара имени А.Л. Мазлумова»; 396030, Российская Федерация, Воронежская область, Рамонский р-н, п. ВНИИСС, 86; e-mail: arpna1@rambler.ru; <https://orcid.org/0000-0001-5959-047X>

Татьяна Петровна Федулова, д-р биол. наук, главный научный сотрудник лаборатории маркер-ориентированной селекции, Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Всероссийский научно-исследовательский институт сахарной свеклы и сахара имени А.Л. Мазлумова»; 396030, Российская Федерация, Воронежская область, Рамонский р-н, п. ВНИИСС, 86; e-mail: biotechnologiya@mail.ru; <https://orcid.org/0000-0002-6479-9187>

Ирина Вячеславовна Черепухина, канд. биол. наук, старший научный сотрудник лаборатории маркер-ориентированной селекции, Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Всероссийский научно-исследовательский институт сахарной свеклы и сахара имени А.Л. Мазлумова»; 396030, Российская Федерация, Воронежская область, Рамонский р-н, п. ВНИИСС, 86; e-mail: irenius@list.ru; <https://orcid.org/0000-0001-6470-5243>

Татьяна Сергеевна Руденко, научный сотрудник лаборатории маркер-ориентированной селекции, Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Всероссийский научно-исследовательский институт сахарной свеклы и сахара имени А.Л. Мазлумова»; 396030, Российская Федерация, Воронежская область, Рамонский р-н, п. ВНИИСС, 86; e-mail: ipigun6292@gmail.com; <https://orcid.org/0000-0003-4653-4115>

Светлана Александровна Мелентьева, заместитель директора по науке, Республиканское дочернее унитарное предприятие «Опытная научная станция по сахарной свекле»; 222603, Республика Беларусь, Минская область, г. Несвиж, ул. Озерная, 1; e-mail: melenteva-s@mail.ru; <https://orcid.org/0009-0000-6396-0576>

Information about the authors

Arpine A. Nalbandian, CSc (Bio), Leading Research Associate, Head of the Laboratory of Marker Assisted Selection, A.L. Mazlumov All-Russian Research Institute of Sugar Beet of Russian Agricultural Academy; 86, VNIISS Vlg., Ramonsky District, Voronezh Region, 396030, Russian Federation; e-mail: arpna1@rambler.ru; <https://orcid.org/0000-0001-5959-047X>

Tatyana P. Fedulova, DSc (Bio), Chief Research Associate at the Laboratory of Marker Assisted Selection, A.L. Mazlumov All-Russian Research Institute of Sugar Beet of Russian Agricultural Academy; 86, VNIISS Vlg., Ramonsky District, Voronezh Region, 396030, Russian Federation; e-mail: biotechnologiya@mail.ru; <https://orcid.org/0000-0002-6479-9187>

Irina V. Cherepukhina, CSc (Bio), Senior Research Associate at the Laboratory of Marker Assisted Selection, A.L. Mazlumov All-Russian Research Institute of Sugar Beet of Russian Agricultural Academy; 86, VNIISS Vlg., Ramonsky District, Voronezh Region, 396030, Russian Federation; e-mail: irenius@list.ru; <https://orcid.org/0000-0001-6470-5243>

Tatyana S. Rudenko, Research Associate at the Laboratory of Marker Assisted Selection, A.L. Mazlumov All-Russian Research Institute of Sugar Beet of Russian Agricultural Academy; 86, VNIISS Vlg., Ramonsky District, Voronezh Region, 396030, Russian Federation; e-mail: ipigun6292@gmail.com; <https://orcid.org/0000-0003-4653-4115>

Svetlana A. Melenteva, Deputy Director for Science, Experimental Scientific Station for Sugar Beet; 1 Ozeraya St., Nesvizh, Minsk Region, 222603, Republic of Belarus; <https://orcid.org/0009-0000-6396-0576>