НАЦИОНАЛЬНАЯ АКАДЕМИЯ НАУК БЕЛАРУСИ



ЖЕБРАКОВСКИЕ ЧТЕНИЯ

XII

ПРЕОБРАЗОВАНИЕ ГЕНОМОВ

Минск
2026

НАЦИОНАЛЬНАЯ АКАДЕМИЯ НАУК БЕЛАРУСИ
Институт генетики и цитологии НАН Беларуси
Общество генетиков и селекционеров

ЖЕБРАКОВСКИЕ ЧТЕНИЯ
XII
ПРЕОБРАЗОВАНИЕ ГЕНОМОВ

Е. К. Хлесткина

Коллекции генетических ресурсов растений в постгеномную эру

Минск
2026

УДК 575.1:575.22

Ответственный редактор
академик А. В. Кильчевский

Ученый совет ГНУ «Институт генетики и цитологии НАН Беларуси» постановил в ознаменование неоценимого вклада академика А. Р. Жебрака в развитие биологической науки раз в два года проводить чтения, посвященные его памяти

Двенадцатые Жебраковские чтения состоялись 11 ноября 2026 года

Жебраковские чтения XII / Е. К. Хлесткина / отв. ред. А. В. Кильчевский. – Минск: Институт генетики и цитологии НАН Беларуси. – 2026. – 16 с. – ISBN 978-985-90601-4-4

ISBN 978-985-90601-4-4

© ГНУ «Институт генетики и цитологии НАН Беларуси», 2026

Памяти наставника и учителя
академика В. К. Шумного (1934–2026)

Коллекции генетических ресурсов растений в постгеномную эру

Хлесткина Елена Константиновна
Директор Федерального исследовательского центра Всероссийского института генетических ресурсов растений имени Н. И. Вавилова
Доктор биологических наук, член-корреспондент Российской академии наук

РЕЗЮМЕ

Организация деятельности с биологическими коллекциями претерпевает в наше время определенную трансформацию в силу ряда научно-технологических, экономических и регуляторных факторов. Широкие методические возможности, появившиеся за счет развития цифровых и генетических технологий, позволяют раскрывать новые и новые возможности ресурсов имеющихся коллекций. Цель доклада — с учетом научно-технологического контекста, в котором сегодня, в так называемую постгеномную эру, происходит создание, формирование, сохранение, развитие, изучение и использование коллекций генетических ресурсов растений, представить основные достижения и перспективы развития в этой сфере, в том числе в связи с потребностями биоэкономики.

Plant Genetic Resource Collections in the Postgenomic Era

Elena K. Khlestkina
Director of the Federal Research Center N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources
Doctor of Biological Sciences, Corresponding Member of the Russian Academy of Sciences

SUMMARY

The management of biological collections is currently undergoing a transformation due to a number of scientific, technological, economic, and regulatory factors. Extensive methodological opportunities offered by modern digital and genetic technologies are opening up new perspectives for existing collections. This report aims to present the main achievements and development prospects in this field, including those related to the needs of the bioeconomy, taking into account the scientific and technological context in which plant genetic resource collections are created, developed, preserved, developed, studied, and used today, in the so-called post-genomic era.

Введение

Под генетическими ресурсами подразумевают генетические материалы, обладающие фактической или потенциальной ценностью. Точкой отсчета мирового признания коллекций генетических ресурсов растений можно считать отмеченную в 1906 г. высшей наградой на международной выставке в Милане коллекцию растений Бюро по прикладной ботанике при Ученом комитете Министерства земледелия и государственных имуществ Российской империи. Коллекция Бюро дала начало первому в мире генбанку, организованному академиком Н. И. Вавиловым.

В этом году научное сообщество отмечает столетие Вавиловской теории центров происхождения культурных растений, которая наряду с открытым в 1920 г. законом гомологических рядов в наследственной изменчивости позволила осуществлять поиск и сбор генетических ресурсов растений (ГРР) целенаправленно. В результате в течение полутора десятков лет Н. И. Вавиловым и его соратниками была собрана первая и одна из крупнейших в мире коллекций ГРР. Вавиловская коллекция мировых генетических ресурсов культурных растений и их диких родичей сегодня насчитывает свыше 320 тыс. образцов, относящихся более чем к 2 тыс. видов. Сегодня в мире, по данным ФАО, зарегистрировано свыше 1,7 тыс. генбанков, содержащих подобные коллекции, более 92% из них имеют коллекции численностью ниже 10 тыс. образцов, а 7 коллекций включают более 100 тыс. образцов, среди них коллекции России, США и Китая [1, 2].

Вплоть до 1990 г. основные решения в отношении коллекций генетических ресурсов принимались на уровне международного научного сообщества. Однако затем ситуация изменилась: имевшие место на рубеже XX – начало XXI вв. научно-методические достижения в сфере биологии, биотехнологии, а затем геномики и биоинформатики, возможность применения этих подходов для повышения конкурентоспособности в области селекции, переход на новый экономический уклад, биоэкономику, привлекли внимание крупных игроков глобального рынка к биологическим коллекциям (и биоресурсам в целом). В 2001 г. сами биологические ресурсы, а в 2022 г. цифровая генетическая информация о них были признаны важными факторами экономики. Для международного регулирования деятельности с этими ресурсами в 1992 г. была принята Конвенция о биологическом разнообразии, затем в 2001 г. — Международный договор о генетических ресурсах растений для производства продовольствия и ведения сельского хозяйства. Под эгидой Конвенции обсуждаются условия функционирования многостороннего механизма в отношении генетических ресурсов и цифровой информации о них, включая Фонд Кали (предполагается, что пользователи цифровой информации о последовательностях в отношении генетических ресурсов, которые получают коммерческую выгоду, должны будут вносить долю выручки в данный фонд) [2–4].

Наряду с призывом к организации доступа к генетическим ресурсам и информации о них межстрановые регуляторные документы признают на между-

народном уровне суверенные права государств на свои природные ресурсы и право регулирования доступа к генетическим ресурсам. В связи с вышесказанным многие государства уделяют внимание национальному регулированию в сфере генетических ресурсов. Например, в России за последние три года принят специальный федеральный закон[1] и 16 подзаконных актов, регулирующих отношения в сфере биологических коллекций и биоресурсных центров, образован Национальный центр генетических ресурсов растений и еще три аналогичных центра генетических ресурсов по другим направлениям. Создана суверенная государственная информационная система в области генетической информации «Национальная база генетической информации», предназначенная не только для депонирования нуклеотидных последовательностей, но и для учета биологических коллекций и ведения их каталогов с размещением подробной информации о каждом образце [2, 4].

Цель доклада — с учетом научно-технологического контекста, в котором сегодня, в так называемую постгеномную эру, происходит создание, формирование, сохранение, развитие, изучение и использование коллекций генетических ресурсов растений, представить основные достижения и перспективы развития в этой сфере, в том числе в связи с потребностями биоэкономики.

Вместе с тем логика исследований генетических ресурсов растений сегодня неизменно вытекает из блестящих достижений наших предшественников, поэтому настоящий доклад открывается рассмотрением роли классической генетики и селекции в создании выдающихся форм растений и раскрытии закономерностей наследования хозяйственно ценных признаков (на отдельных примерах).

Отдаленная гибридизация и полиплоидия в фундаментальных и прикладных исследованиях растений

Работы Антона Романовича Жебрака по экспериментальной полиплоидии зерновых культур заложили основы хромосомной инженерии злаков — направление, получившее в первую очередь активное развитие в двух ведущих генетических институтах СССР в Новосибирске и в Минске (сегодня это, соответственно, Институт цитологии и генетики СО РАН и Институт генетики и цитологии НАН Беларуси). Учреждения тесно сотрудничали в данном направлении в предшествующие годы (под руководством академика В. К. Шумного со стороны Института цитологии и генетики СО РАН и академика Л. В. Хотылевой со стороны Института генетики и цитологии НАН Беларуси [5, 6]) и продолжают сотрудничество в настоящее время.

Формы, получаемые при помощи отдаленной гибридизации, внесли ве-

1. Федеральный закон от 30.11.2024 № 428-ФЗ «О биоресурсных центрах и биологических (биоресурсных) коллекциях и о внесении изменений в статью 29 Федерального закона «О животном мире»: официальный интернет-портал правовой информации. – Россия, 2005–2026. – URL: http://publication.pravo.gov.ru/document/0001202411300018 (дата обращения: 15.06.2026).

сомый вклад в развитие современной генетики зерновых культур на рубеже XX–XXI вв. [7]. Еще ранее колоссальную роль этот материал сыграл в развитии селекции пшеницы: после крупных потерь урожаев озимой и яровой мягкой пшеницы из-за эпифитотий в 70-е годы прошлого века полностью поменялась стратегия селекции. Сегодня удается не только сохранять урожай, контролируя фитосанитарную обстановку благодаря генетической защите растений, но и минимизировать применение пестицидов вплоть до полного отказа от обработок. Важную роль в генетической защите пшеницы от грибных болезней играет применение генетического материала ее диких родичей. Созданные путем отдаленной гибридизации доноры включаются в селекционные программы (рис. 1). Например, новый сорт озимой пшеницы «СПбГУ-300», созданный недавно в Национальном центре зерна имени П. П. Лукьяненко под руководством Героя Труда Российской Федерации академика РАН Людмилы Андреевны Беспаловой, рекомендован для возделывания по беспестицидным технологиям. Его родословная корнями уходит в коллекцию ВИР, в том числе к материалу диких родичей. Отдельно можно отметить в этой родословной особую линию из серии, созданной ВИР путем скрещивания мягкой пшеницы с *Aegilops speltoides*: использование так называемых «кукушкиных генов» от линий этой серии гарантирует элиминацию будущего потомства,

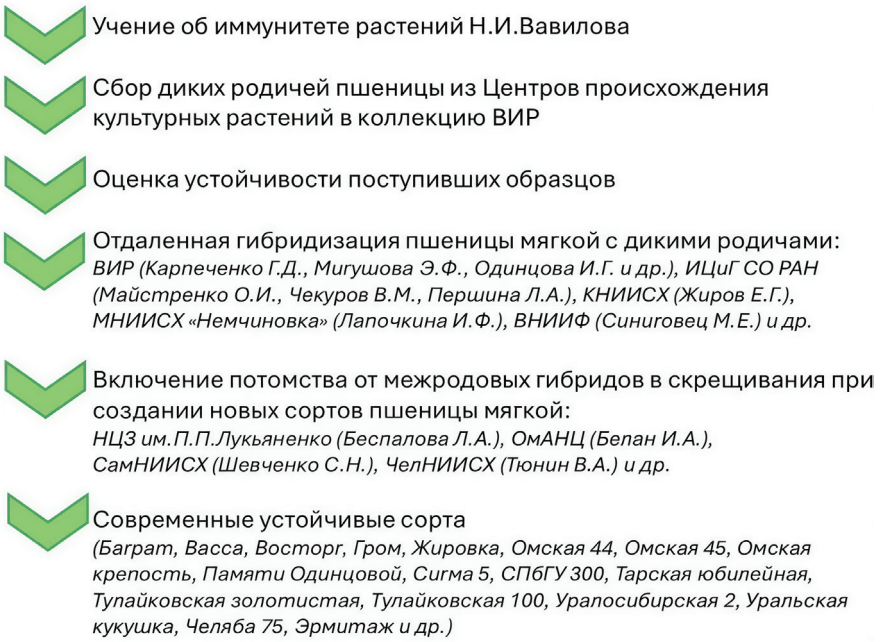


Рис. 1. Этапы развития генетической защиты мягкой пшеницы и примеры современных российских сортов пшеницы, устойчивых к наиболее опасным грибным болезням

восприимчивого к бурой ржавчине, на этапе формирования пыльцы [8, 9].

Другой пример — использование богатых материалов коллекции ВИР в работе по отдаленной гибридизации для селекции косточковых культур. Созданные Героем труда Краснодарского края академиком РАН Ереминым Геннадием Викторовичем селекционные достижения, в первую очередь клоновые подвои косточковых культур [10], используются на пяти континентах, а результат отдаленной гибридизации — новая культура слива русская, гибрид алычи и сливы китайской, — отлично приспособлен к климату Европейской России, устойчив к болезням и вредителям.

Создание выдающихся селекционных достижений зиждется на научных заделах и многолетнем труде нескольких поколений ученых. Промежуток от включения того или иного образца в коллекцию до отдачи в реальном секторе экономики может занимать годы и даже десятилетия, а спрогнозировать заранее, какой именно образец коллекции даст в будущем прорывной экономический эффект, невозможно. Например, выявленные закономерности наследования короткостебельности у ржи [11] базировались на предшествующей этому полувековой истории сохранения и изучения мировой коллекции этой культуры. Эти знания помогли создать новые короткостебельные сорта, ежегодный экономический эффект от применения которых в России спустя полвека был оценен в 3 млрд рублей [8].

В задачи работы с коллекцией входит не только сохранение и изучение поступивших образцов, но и создание новых востребованных селекционерами форм — доноров ценных признаков. Например, межвидовые гибриды, доноры устойчивости картофеля к различным болезням и других ценных признаков, несущие генетический материал от диких и аборигенных культурных видов картофеля, — самый популярный материал коллекции ВИР, направляемый в селекционные центры по их заявкам [12].

Молекулярная генетика и биотехнология для деятельности по сохранению, изучению и использованию генетических ресурсов растений

Сегодня для создания и дальнейшего использования доноров ценных признаков активно применяют диагностические ДНК-маркеры. Например, создание донора с пирамидой из трех разных генов *Rpi* для защиты картофеля от большинства рас фитофторы стало возможным благодаря отбору потомства от скрещивания сортового картофеля с дикими видами при помощи ДНК-маркеров [13]. Полученный гибрид является именно донором, а не просто источником устойчивости к фитофторозу, т. к. не несет каких-либо недостатков от диких родичей и обладает комплексом полезных признаков в части продуктивности и качества.

Изучение молекулярно-генетических механизмов наследования хозяйственно ценных признаков, поиск и маркирование новых аллелей, применение разрабатываемых диагностических ДНК-маркеров для скрининга образцов

коллекции и включение найденных источников в селекционные программы одновременно с рекомендованной лабораторной методикой отбора — все это стало неотъемлемым стандартом работы с генетическими ресурсами [14, 15]. В этом направлении примером сотрудничества могут служить совместные работы Всероссийского института генетических ресурсов растений имени Н. И. Вавилова и Института генетики и цитологии НАН Беларуси [16].

Молекулярно-генетические и биотехнологические методы имеют огромное значение не только для прикладных работ, но и непосредственно для сохранения образцов коллекции с соблюдением генетической чистоты, целостности и подлинности (аутентичности) материалов. В ВИР разработана комплексная стратегия сохранения сортового генофонда вегетативно размножаемых культур, этапы которой включают **(1)** оформление номенклатурных стандартов сортов в соответствии с рекомендациями Международного кодекса номенклатуры культурных растений (ICNCP) и передачу их на хранение в Гербарий ВИР (Гербарий культурных растений мира, их диких родичей и сорных растений, акроним WIR); **(2)** разработку генетических паспортов номенклатурных стандартов; **(3)** сохранение в живом виде образцов, генетически идентичных номенклатурным стандартам, в дублетных *in vitro* и в криоколлекциях [17]. Эти наработки — основа дальнейшего внедрения методов анализа полиморфизма ДНК для генетической паспортизации сортов и гибридов в соответствии с законодательными нормами Российской Федерации[2].

Секвенирование геномов и постгеномные технологии

Расшифровка полных геномов основных сельскохозяйственных культур, а затем секвенирование пангеномов [18] открыли совершенно новые возможности изучения и использования генетических ресурсов растений, в том числе для разработки новых технологий с целью: **(1)** ускоренной селекции и диверсификации создания сортового сырья для различных отраслей промышленности; **(2)** защиты интеллектуальной собственности; **(3)** контроля за модификациями в геномах организмов, допускаемых к использованию в производстве; **(4)** сохранения генетического разнообразия экономически значимых культур [4].

Широкое применение получили работы в области современной количественной генетики растений (например, GWAS-анализ [19]). Связанные с этим направлением новые методические возможности повлекли частичную перестройку традиционной работы по агробиологическому изучению выборок образцов той или иной культуры в разных эколого-географических зонах — все чаще изучаемые выборки стали составляться в соответствии с требованиями к структурированию GWAS-панелей, трехлетнее изучение завершается ассоциативным анализом «фенотип-генотип», результаты служат основой для разработки новых диагностических ДНК-маркеров, а материал далее поддер-

2. Федеральный закон от 30.12.2021 № 454-ФЗ «О семеноводстве»: официальный интернет-портал правовой информации. – Россия, 2005–2026. – URL: http://publication.pravo.gov.ru/Document/View/0001202112300119 (дата обращения: 15.06.2026).

живается в виде так называемых прецизионных коллекций [20].

Практический результат современных исследований в области частной генетики растений — не только новые выделенные и маркированные хозяйственно ценные гены. На перспективу это еще и новые гены-мишени для редактирования. Первым отредактированным в России сельскохозяйственным растением является ячмень [21], причем развитие работ на этом объекте позволило нам перейти от распространенной технологии нокаута генов-мишеней к решению нетривиальных задач по восстановлению функции генов [22].

Особое внимание в контексте геномного редактирования уделяется коллекциям диких родичей культурных растений: с одной стороны, как перспективному материалу для так называемой доместикации *de novo*, с другой стороны, как источнику информации о вариантах генов, которые можно теперь не переносить путем сложных межвидовых и межродовых скрещиваний в культурные формы, а воссоздавать при помощи редактирования гомологичных генов, имеющихся у культурных форм.

Созданные к данному моменту редактированные линии вместе с исходным материалом представляют собой модели для сравнительных исследований, по точности с которыми не могут сравниться создаваемые ранее почти изогенные линии или же формы, созданные при помощи индуцированного мутагенеза. Комплексное исследование (полевая, лабораторная оценка, в том числе транскриптомный и метаболомный анализ) редактированных линий показывает, что мутация в одном-единственном гене способна, помимо ожидаемого эффекта по целевому признаку, вызывать широкий спектр плейотропных эффектов [23, 24].

С одной стороны, это ценная информация для понимания сложной организации генных и метаболических сетей, с другой стороны, свидетельство того, что ожидания сокращения сроков улучшения сортов растений при помощи редактирования были преждевременными. Улучшенный путем направленной мутации сорт (при условии потенциального допуска редактированного материала к государственному сортоиспытанию — законодательно это пока в России не разрешено[3]) должен пройти все стадии полевых испытаний и тщательной оценки по комплексу признаков, не говоря о времени, требуемом для получения достаточного количества семян от единичного растения-мутанта.

Тем не менее на данный момент генетическое редактирование — блестящий инструмент обратной генетики. Этапы изучения новых поступлений в коллекцию на современном уровне с учетом описанных выше постгеномных подходов схематически представлены на рисунке 2.

Постгеномные исследования были бы невозможны без богатого разнообразия коллекций генетических ресурсов. Важной функцией держателей таких коллекций является предоставление образцов по заявкам. ВИР ведет активную деятельность в этом направлении, предоставляя по заявкам около 5 тыс.

3. Федеральный закон от 05.07.1996 № 86-ФЗ «О государственном регулировании в области генно-инженерной деятельности»: официальный интернет-портал Консультант Плюс. – Россия, 1997–2026. – URL: https://www.consultant.ru/document/cons_doc_LAW_10944/ (дата обращения: 15.06.2026).



Рис. 2. Этапы изучения новых поступлений в коллекцию генетических ресурсов растений

образцов ежегодно. В том числе в этом направлении ведется активное сотрудничество с научными учреждениями Республики Беларусь.

В ВИР существует уникальный сервис адресного подбора материала в зависимости от задач селекционной или исследовательской программы, которую выполняет получатель образцов. Для быстрого адресного выполнения заявок куратор каждой коллекции обладает современным инструментом интегрированного структурирования (рис. 3). Более подробно об интегрированном структурировании и функции куратора коллекции описано в нашей недавней аналитической работе [25].

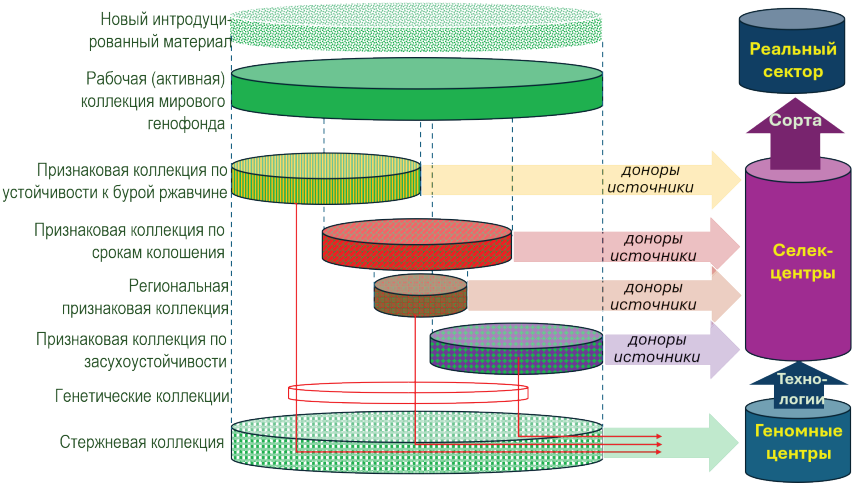


Рис. 3. Схематическое изображение элементов интегрированного структурирования на примере мирового генофонда пшеницы коллекции ВИР, а также взаимодействия с получателями образцов

Новые междисциплинарные направления исследований

Возможности широкого спектра методов анализа полиморфизма ДНК (в том числе путем секвенирования) одновременно с совершенствованием технологий экстракции ДНК позволили перейти на новый уровень междисциплинарных исследований на стыке биологии и археологии — от археоботаники к палеогенетике. История междисциплинарных работ ВИР с археологами ведет свое начало с археоботанических работ К. А. Фляксбергера.

В нашем веке ВИР стал пионером исследований в области палеогенетики культурных растений в России. Например, генетические исследования ячменя из раскопов XII в. в Псковской области в сотрудничестве с Институтом истории материальной культуры РАН позволили реконструировать морфологию растений ячменя по структуре ДНК карбонизированных фрагментов зерновок и провести сравнение с образцами ячменя различного происхождения из коллекции ВИР — по редко встречающимся аллелям SNP-локусов выявлено сходство с белорусским сортом «Криничный» [26]. Сегодня во взаимодействии с Институтом археологии РАН ВИР ведет масштабные археоботанические и палеогенетические исследования крупнейшей находки скоплений семян культурных растений, обнаруженных на территории Свято-Троицкой Сергиевой Лавры (XVI–XVIII вв.). Привлечение материала образцов староместных сортов различного происхождения из коллекции ВИР для сравнительных исследований с древним материалом из раскопов раскрывает новый функционал уникальных коллекционных сборов ВИР первой половины XX в.

Другое междисциплинарное направление, связанное с современными исследованиями коллекций генетических ресурсов растений с применением постгеномных методов, можно обозначить как «генетические ресурсы для здорового питания и долголетия». Базируясь на классической нутрициологии и диетологии, оно охватывает сегодня нутриогеномику человека с применением омиксных подходов, нутрициологические и нутриогеномные эксперименты на модельных животных, нутрициологическое фенотипирование генетических ресурсов растений, наряду с их биохимическим и метаболомным анализом, а также наукоемкие способы переработки растительного сырья [27]. Отдельное внимание при изучении коллекций культурных растений уделяется исследованию содержания биологически активных полифенольных соединений, в том числе флавоноидов и антоцианов. В этом направлении активное сотрудничество ведется между ВИР и Институтом генетики и цитологии НАН Беларуси [16]. Интерес представляют продукты ежедневного рациона, например, хлеб, изготовленный из сортов, несущих гены биосинтеза антоцианов от эфиопской пшеницы. Показано, что антоцианы зерна обладают профилактическим действием в отношении нейродегенеративных и опухолевых заболеваний, улучшают рабочую память [27].

Еще один пример междисциплинарного исследования в направлении здорового питания и долголетия — проведенное в рамках программы «Хлеба России» глубокое изучение влияния диеты с применением образцов различ-

ных видов зерновых культур на продолжительность жизни, фертильность, физическую активность и стрессоустойчивость на модели дрозофилы [28].

Третье междисциплинарное направление относится уже к сфере задач современной биоэкономики и направлено на диверсификацию применения растительного сырья для создания новых материалов для самых разных отраслей промышленности. Речь идет не просто о растительном сырье, а о специально создаваемых сортах, в генотипе которых запрограммированы те или иные свойства будущего продукта переработки (например, сорта растений-крахмалоносов со специальными свойствами крахмала и т. п.). Этот подход позволяет существенно снизить стоимость конечного продукта за счет элиминации ряда этапов переработки (например, химической модификации сырья) благодаря прижизненному формированию необходимых свойств [29].

На фоне междисциплинарного взаимодействия держателей коллекций генетических ресурсов со специалистами из самых разных научных отраслей крайне важен современный доступный понятийный аппарат, охватывающий специальные термины в сфере создания, формирования, сохранения, развития, изучения и использования коллекций генетических ресурсов растений. Он активно развивается, и его текущая версия представлена в нашем недавнем издании [25].

Заключение

Таким образом, в силу ряда научно-технологических, экономических и регуляторных факторов организация деятельности с коллекциями генетических ресурсов растений претерпевает в наше время определенную трансформацию. Широкие методические возможности, появившиеся за счет развития цифровых и генетических технологий, позволяют раскрывать все новые возможности биологических коллекций — национального богатства, которое собиралось, хранилось и развивалось поколениями ученых и рассматривается, в том числе, и как особое юридическое явление, нуждающееся «в особом отношении и защите» [30].

Список использованной литературы

1. Лоскутов, И. Г. N. I. Vavilov’s Fundamental Research: Centers of Origin of Cultivated Plants (a review) / И. Г. Лоскутов, Е. К. Хлесткина // Экологическая генетика. – 2026. – Т. 24. DOI: 10.17816/ecogen706669.

2. Развитие подходов к документированию информации об образцах генетических ресурсов растений как основа их гарантированного сохранения и эффективного использования / Ю. В. Ухатова, Л. Ю. Новикова, И. Г. Лоскутов [и др.] // Биотехнология и селекция растений. – 2026. – Т. 9, № 2 – С. 34–47. DOI: 10.30901/2658-6266-2026-2-o3.

3. Официальный портал Организации экономического сотрудничества и развития (ОЭСР) : [сайт]. – URL: https://www.oecd.org/ (дата обращения:

15.12.2025).

4. Организация деятельности с коллекциями генетических ресурсов растений в России: этапы, вызовы и решения / Е. К. Хлесткина, И. Г. Чухина, Е. В. Зуев [и др.] // Биотехнология и селекция растений. – 2026. – Т. 9, № 2. – С. 16–33. DOI: 10.30901/2658-6266-2026-2-o2.

5. Молекулярно-цитогенетический анализ линий тритикале и пшеницы с интрогрессиями генетического материала видов трибы *Triticeae* / О. А. Орловская, И. Н. Леонова, И. Г. Адонина [и др.] // Вавиловский журнал генетики и селекции. – 2015. – Т. 19, № 5. – С. 552–560. DOI: 10.18699/ VJ15.072.

6. Орловская, О. А. Устойчивость линий мягкой пшеницы с генетическим материалом видов рода *Triticum* к грибным болезням / О. А. Орловская, С. И. Вакула, Л. В. Хотылева // Сельскохозяйственная биология. – 2021. – Т. 56, № 1. – С. 171–182. DOI: 10.15389/agrobiology.2021.1.171rus.

7. Khlestkina, E. K. Current applications of wheat and wheat-alien precise genetic stocks / E. K. Khlestkina // Molecular Breeding. – 2014. – Vol. 34. – P. 273–281. DOI: 10.1007/s11032-014-0049-8.

8. Хлесткина, Е. К. Коллекции генетических ресурсов — фундамент биоэкономики / Е. К. Хлесткина, В. К. Хлесткин, А. В. Кочетов // Биотехнология. – 2026. – Т. 42. – С. 30–39. DOI: 10.56304/S0234275825070026.

9. Одинцова, И. Г. Интрогрессивные линии мягкой пшеницы с устойчивостью к бурой ржавчине, переданной от *Aegilops speltoides* Исходный материал и проблемы селекции пшеницы и тритикале / И. Г. Одинцова, Н. А. Агафонова, Р. Л. Богуславский // Труды по прикладной ботанике, генетике и селекции. – 1991. – Т. 142. – С. 106–110.

10. Еремин, Г. В. Клоновые подвои косточковых плодовых культур / Г. В. Еремин, О. В. Еремина, В. Г. Еремин. – Краснодар : Просвещение-Юг, 2025. – 240 с.

11. Кобылянский, В. Д. Генетические особенности короткостебельности ржи / В. Д. Кобылянский // Труды по прикладной ботанике, генетике и селекции. – 1973. – Т. 49, № 3. – С. 97–108.

12. Использование клоновой коллекции картофеля ВИР в решении приоритетных задач отечественной селекции и исследовании генетического разнообразия клубнеобразующих видов *Solanum* L. / Е. В. Рогозина, Н. А. Чалая, О. С. Косарева, Е. К. Хлесткина // Биотехнология и селекция растений. – 2025. – Т. 8, № 4. – С. 95–105. DOI: 10.30901/2658626620254o5.

13. Иванова, Е. А. Молекулярные маркеры как инструмент в селекции картофеля на устойчивость к фитофторозу / Е. А. Иванова, Н. В. Алпатьева, Е. В. Рогозина // Биотехнология и селекция растений. – 2025. – Т. 8, № 1. – С. 5–22. DOI: 10.30901/2658-6266-2025-1-o3.

14. Идентификация носителей аллеля *mlo11*(*cnv2*) устойчивости к мучнистой росе среди ячменей коллекции ВИР / Р. А. Абдуллаев, Н. В. Алпатьева, Т. В. Лебедева [и др.] // Биотехнология и селекция растений. – 2021. – Т. 4, № 3. – С. 37–44. DOI: 10.30901/2658-6266-2021-3-o3.

15. Область пониженной рекомбинации группы сцепления 13 подсолнечника

(*Helianthus annuus* L.) включает кластеры генов восстановления фертильности (*Rf1*) и устойчивости (*Pl*) к ложной мучнистой росе / И. Н. Анисимова, Н. В. Алпатьева, О. Н. Воронова [и др.] // Генетика. – 2023. – Т. 59, № 5. – С. 530–543. DOI: 10.31857/S0016675823050028.

16. Изучение полиморфизма гена *MYB114* У культур вида капуста огородная (*Brassica oleracea* L.) в связи с регуляцией биосинтеза антоцианов на основе сравнения с MYB-факторами овощных пасленовых культур / Д. А. Фатеев, Ф. А. Беренсен, А. М. Артемьева [и др.] // Генетика. – 2023. – Т. 59, № 1. – С. 39–49. DOI: 10.1134/S1022795423010040.

17. Развитие Комплексной стратегии регистрации сортового генофонда в генбанках — совершенствование методов генетической паспортизации и сортовой идентификации / Т. А. Гавриленко, И. Г. Чухина, О. Ю. Антонова [и др.] // Биотехнология и селекция растений. – 2025. – Т. 8, № 2. – С. 48–62. DOI: 10.30901/2658-6266-2025-2-o6.

18. Пронозин, А. Ю. Пангеномы сельскохозяйственных растений / А. Ю. Пронозин, М. К. Брагина, Е. А. Салина // Вавиловский журнал генетики и селекции. – 2021. – Т. 25, № 1. – С. 57–63. DOI: 10.18699/VJ21.007.

19. Применение полногеномного анализа ассоциаций для выявления маркеров, ассоциированных с хозяйственно ценными признаками овса / Н. А. Швачко, Т. В. Семилет, О. Н. Ковалева [и др.] // Труды по прикладной ботанике, генетике и селекции. – 2026. – Т. 187, № 1. – С. 190–203. DOI: 10.30901/2227-8834-2026-1-o3.

20. Особо ценные образцы генетических ресурсов растений: методич. указания по оценке и критериям отбора / под науч. ред. Е. К. Хлесткиной, И. Г. Лоскутова, Ю. В. Ухатовой. – СПб. : ВИР, 2026. – 24 с.

21. Converting hulled into naked barley through targeted knock-out of the *Nud1* gene / S. Gerasimova, C. Hertig, A. Korotkova [et al.] // In Vitro Cellular and Developmental Biology-Plant. – 2018. – Vol. 54 (Suppl 1). – P. S101. DOI: 10.1007/s11627-018-9923-0.

22. Accumulation of anthocyanin in the aleurone of barley grains by targeted restoration of the *Myc2* gene / A. A. Egorova, T. E. Zykova, C. Hertig [et al.] // International Journal of Molecular Science. – 2024. – Vol. 25. – P. 12705. DOI: 10.3390/ijms252312705.

23. Germination and growth characteristics of *nud* knockout and *win1* knockout barley lines under salt stress / E. V. Antonova, N. S. Shimalina, A. M. Korotkova [et al.] // Plants. – 2024. – Vol. 13. – P. 1169. DOI: 10.3390/plants13091169.

24. Shedding new light on the hull-pericarp adhesion mechanisms of barley grains by transcriptomics analysis of isogenic *Nud1* and *nud1* lines / S. V. Gerasimova, A. M. Korotkova, T. d. S. Rodrigues [et al.] // International Journal of Molecular Science. – 2024. – Vol. 25. – P. 13108. DOI: 10.3390/ ijms252313108.

25. Развитие понятийного аппарата в сфере создания, формирования, сохранения, развития, изучения и использования коллекций генетических ресурсов растений / Е. К. Хлесткина, И. Г. Чухина, М. А. Вишнякова [и др.] // Биотехнология и селекция растений. – 2026. – Т. 9, № 2. – С. 86–103. DOI:

10.30901/2658-6266-2026-2-o7.

26. Полиморфизм ДНК в локусах, связанных с адаптацией ячменя к условиям окружающей среды, при сравнении выборок семян из археологических раскопов XII века с образцами из коллекции ВИР различного географического происхождения / Т. В. Семилет, Н. А. Швачко, О. Н. Ковалева [и др.] // Биотехнология и селекция растений. – 2024. – Т. 7, № 2. – С. 67–74. DOI: 10.30901/2658-6266-2024-2-o6.

27. Хлесткина, Е. К. Биологические коллекции для здоровья и долголетия: тренды в использовании генетических ресурсов растений / Е. К. Хлесткина // Биотехнология и селекция растений. – 2026. – Т. 9, № 1. – С. 64–70. DOI: 10.30901/2658-6266-2026-1-o1.

28. Sex-specific effects of cereal-based diets on longevity and healthspan in *Drosophila melanogaster* / D. V. Mikhailova, N. V. Zemskaya, N. S. Timusheva [et al.] // Biogerontology. – 2026. – Vol. 27, № 2. – P. 49. DOI: 10.1007/s10522-026-10395-3.

29. Генетические ресурсы растений — основа для технологических решений в различных отраслях промышленности / Е. К. Хлесткина, И. В. Розанова, О. С. Ефремова [и др.] // Труды по прикладной ботанике, генетике и селекции. – 2025. – Т. 186, № 4. – С. 249–256. DOI: 10.30901/2227-8834-2025-4-249-256.

30. Кабышев, С. В. Биологические (биоресурсные) коллекции в конституционном измерении / С. В. Кабышев // Lex russica (Русский закон). – 2025. – Т. 78, № 7. – С. 9–19. DOI: 10.17803/1729-5920.2025.224.7.009-019.