

ИДЕНТИФИКАЦИЯ ГЕНЕТИЧЕСКОГО РАЗНООБРАЗИЯ КУЛЬТУРНЫХ РАСТЕНИЙ И ИХ ДИКИХ РОДИЧЕЙ ДЛЯ РЕШЕНИЯ ФУНДАМЕНТАЛЬНЫХ И ПРИКЛАДНЫХ ПРОБЛЕМ

Научная статья

УДК 631.523.11+632.938.1

DOI: 10.30901/2227-8834-2025-4-155-167



Полиморфизм гена Ry_{chc} у отечественных сортов и гибридных клонов картофеля

Е. А. Иванова, Е. В. Рогозина, О. С. Косарева, А. А. Гурина, Н. В. Алпатьева

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

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

Актуальность. Широко распространенный вирус картофеля Y (YBK) способен вызвать до 80% потерь урожая. Создание сортов, устойчивых к YBK, основано на интрогрессии генов Ry_{adg} , Ry_{sto} , Ry_{fsto} и Ry_{chc} , источниками которых служат виды *Solanum andigenum* Juz. et Buk., *S. stoloniferum* Schltdl. и *S. chacoense* Bitt. соответственно. Идентифицированы два аллеля гена Ry_{chc} : $Ry_{chc}-1$ в японских сортах картофеля и $Ry_{chc}-2$ у генотипа 40-3 образца *S. chacoense* PI320285 из коллекции генбанка США. Известны устойчивые к YBK российские сорта картофеля, созданные на основе форм *S. chacoense* (f. *garciae* 55d и f. *commersonii* 58d). Цель исследования: оценить отечественные сорта картофеля, клоны межвидовых гибридов и образцы *S. chacoense* в коллекции ВИР на наличие гена Ry_{chc} и разработать эффективный CAPS-маркер, позволяющий дифференцировать аллели гена Ry_{chc} .

Материалы и методы. Выполнена иммунологическая оценка 10 отечественных сортов и 25 клонов межвидовых гибридов картофеля. Для идентификации гена Ry_{chc} у сортов и гибридов картофеля, а также у 31 генотипа *S. chacoense* использовали SCAR-маркеры MG64-17 и MG64-17-1. Аллели $Ry_{chc}-1$ и $Ry_{chc}-2$ идентифицировали с помощью маркера CAPS $_{Ry_{chc}}$, разработанного в данном исследовании. Амплифицированные фрагменты MG64-17-1 клонировали и секвенировали по методу Сэнгера.

Результаты. Маркер MG64-17-1 гена Ry_{chc} найден у девяти сортов картофеля, созданных на основе *S. chacoense*, и у шести гибридных клонов F_1 (99-10-1 × 'Русский сувенир'); связь между наличием маркера MG64-17-1 и устойчивостью к YBK статистически значима: $\chi^2 = 4,01$ ($p = 0,046$). Все устойчивые образцы защищены эффективным аллелем гена $Ry_{chc}-2$. У сортов 'Белоснежка', 'Башкирский' идентифицированы маркерные фрагменты двух аллельных вариантов гена Ry_{chc} , причем в нуклеотидных последовательностях сорта 'Белоснежка' обнаружены дополнительные полиморфные сайты по сравнению с референсными последовательностями $Ry_{chc}-1$ и $Ry_{chc}-2$. Полученные в работе последовательности депонированы в международную базу данных NCBI (GenBank: PX309300–PX309303).

Ключевые слова: *Solanum tuberosum*, *Solanum chacoense*, вирус картофеля Y, устойчивость, CAPS-маркер, аллельные варианты

Благодарности: исследование выполнено в рамках государственного задания Федерального исследовательского центра Всероссийского института генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова (ВИР) FGEM-2025-0005 «Совершенствование подходов и методов *ex situ* сохранения идентифицированного генофонда клубнеплодных культур (картофель, топинамбур) и их диких родичей, разработка технологий их эффективного использования в селекции». Авторы благодарят рецензентов за их вклад в экспертную оценку этой работы.

Для цитирования: Иванова Е.А., Рогозина Е.В., Косарева О.С., Гурина А.А., Алпатьева Н.В. Полиморфизм гена Ry_{chc} у отечественных сортов и гибридных клонов картофеля. *Труды по прикладной ботанике, генетике и селекции*. 2025; 186(4):155-167. DOI: 10.30901/2227-8834-2025-4-155-167

IDENTIFICATION OF THE DIVERSITY OF CULTIVATED PLANTS AND THEIR WILD RELATIVES FOR SOLVING FUNDAMENTAL AND APPLIED PROBLEMS

Original article

DOI: 10.30901/2227-8834-2025-4-155-167

Polymorphism of the *Ry_{chc}* gene in domestic potato cultivars and hybrid clones

Ekaterina A. Ivanova, Elena V. Rogozina, Olga S. Kosareva, Alena A. Gurina, Natalia V. Alpatieva

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

Background. Potato virus Y (PVY) can cause up to 80% of harvest losses. Development of PVY-resistant cultivars is based on the introgression of the *Ry_{adg}*, *Ry_{sto}*, *Ry_{fsto}*, and *Ry_{chc}* genes. Their sources are *Solanum andigenum* Juz. et Buk., *S. stoloniferum* Schltdl., and *S. chacoense* Bitt., respectively. Two alleles of the *Ry_{chc}* gene have been identified: *Ry_{chc}*-1 in Japanese potato cultivars and *Ry_{chc}*-2 in genotype 40-3 of the *S. chacoense* PI320285 from the U.S. genebank. Several Russian potato cultivars resistant to PVY were developed on the basis of *S. chacoense* f. *garciae* 55d and f. *commersonii* 58d. The objective of the research was to evaluate domestic potato cultivars, hybrid clones, and accessions of *S. chacoense* from VIR collection for the presence of the *Ry_{chc}* gene, and to develop an effective CAPS marker distinguishing alleles of the *Ry_{chc}* gene.

Materials and methods. Immunological tests of 10 domestic cultivars and 25 clones of interspecific potato hybrids were performed. To identify the *Ry_{chc}* gene in potato breeding material and in 31 genotypes of *S. chacoense*, SCAR markers MG64-17 and MG64-17-1 were employed. Alleles *Ry_{chc}*-1 and *Ry_{chc}*-2 were identified using the CAPS_{*Ry_{chc}*} marker developed in this study. The amplified MG64-17-1 fragments were cloned and sequenced by the Sanger method.

Results. The *Ry_{chc}* gene marker, MG64-17-1, was found in nine potato cultivars developed on the basis of *S. chacoense*, and in six F₁ hybrid clones (99-10-1 × 'Russky Suvenir'). The relationship between the presence of the MG64-17-1 marker and PVY resistance was significant: chi-square = 4.01 (*p* = 0.046). All resistant accessions were protected by the *Ry_{chc}*-2 allele. Marker fragments of two allelic variants of the *Ry_{chc}* gene were identified in cvs. 'Belosnezhka' and 'Bashkirsky'. 'Belosnezhka' contained additional polymorphic sites compared to the reference sequences of *Ry_{chc}*-1 and *Ry_{chc}*-2. The sequences detected in this research were deposited to the NCBI as PX309300–PX309303.

Keywords: *Solanum tuberosum*, *Solanum chacoense*, potato virus Y, resistance, CAPS marker, allelic variants

Acknowledgements: the research was carried out within the framework of the state task according to the theme plan of VIR, Project No. FGEM-2025-0005 "Improving approaches and methods for *ex situ* conservation of the identified genetic diversity of tuber crops (potato, and Jerusalem artichoke) and their wild relatives, and developing technologies for their effective use in breeding".

The authors thank the reviewers for their contribution to the peer review of this work

For citation: Ivanova E.A., Rogozina E.V., Kosareva O.S., Gurina A.A., Alpatieva N.V. Polymorphism of the *Ry_{chc}* gene in domestic potato cultivars and hybrid clones. *Proceedings on Applied Botany, Genetics and Breeding*. 2025;186(4):155-167. (In Russ.). DOI: 10.30901/2227-8834-2025-4-155-167

Введение

Картофель поражают более 50 вирусов, из которых Y-вирус картофеля (YBK) является одним из наиболее распространенных и экономически значимых, приводя к потере 30–64% урожая (Torrance, Talianksy, 2020) и до 80% при смешанной инфекции с другими вирусами (Kreuze et al., 2020). Мониторинг семенного картофеля в России свидетельствует о доминировании YBK, наряду с SBK (S-вирус картофеля) и MBK (M-вирус картофеля), в большинстве регионов европейской части России (Mal'ko et al., 2019). Штаммовый состав вируса изменяется: в изолятах YBK в настоящее время преобладают некротические и рекомбинантные штаммы (Yanagisawa et al., 2021; Stakheev et al., 2023). Для стабильного развития современного картофелеводства необходимы сорта, устойчивые к тяжелым формам вирусных заболеваний (полосчатая и морщинистая мозаика), которые возникают в результате моноинфекции YBK или его комбинации с другими мозаичными вирусами.

В селекции картофеля на устойчивость к YBK используют доминантные *R*-гены, обуславливающие гиперчувствительный ответ (HR – hypersensitive resistance, гены *Ny*) на инфицирование вирусом или экстремальную устойчивость (ER – extreme resistance, гены *Ry*). Гены *Ry* подавляют размножение вируса в растительной клетке, являются эпистатическими по отношению к генам *Ny*, действуют раньше и эффективнее, чем гены гиперчувствительного ответа, защищают от всех штаммов, в том числе от новых рекомбинантных штаммов YBK (Valkonen et al., 2017; Bradshaw, 2021). Гены *Ry_{adg}* и *Ry_{sto}*, *Ry_{sto}* наиболее распространенные в сортах картофеля иностранной селекции, интрогрессированы от образцов *S. tuberosum* Group Andigena (*S. andigenum* Juz. et Buk.) и *S. stoloniferum* Schltdl. соответственно (Valkonen et al., 2017; Bradshaw, 2021). Ген *Ry_{sto}* присутствует в устойчивых сортах картофеля европейских стран – Германии, Венгрии, Польши и Нидерландов, ген *Ry_{adg}* – в североамериканских сортах картофеля, оба гена представлены у сортов картофеля в Австралии (Slater et al., 2020). Ген *Ry_{chc}* интрогрессирован от *S. chacoense* Bitt., присутствует у сортов венгерской селекции 'Pannónia', 'Boró', 'Reka', 'Rebeka', 'Rachel', 'Boglar' и японской селекции 'Konafubuki', 'Sakurafubuki' и 'Saikai 35' (Valkonen et al., 2017). При выведении российских сортов картофеля в качестве источников устойчивости к YBK использовали образцы *S. stoloniferum* и *S. chacoense*. Гибриды и сорта с полной устойчивостью к YBK созданы на основе двух форм *S. chacoense* (f. *garciae* 55d и f. *commersonii* 58d) и нескольких источников *Ry_{sto}*-генов, интродуцированных из Leibniz Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research (IPK) или полученных от селекционеров Венгрии (Yashina et al., 2007).

Клонированы гены *Ry_{sto}* и *Ry_{chc}*: ген *Ry_{sto}* – у дигиплоида сорта 'Alicja', устойчивость которого к YBK унаследована от гибридного клона MPI 55.957/54, имеющего в своей родословной *S. stoloniferum* (Grech-Baran et al., 2020), и ген *Ry_{chc}* (дважды) – у диплоидной линии от скрещивания клона *S. chacoense* 40-3 (образец PI 320285) с *S. berthaultii* 143-6 (Li et al., 2022) и у дигиплоида '184202-2', полученного от опыления устойчивой тетраплоидной линии ('Saikai 37' × 'Konafubuki') индуктором партеногенеза *S. phureja* 'IVP35' (Akai et al., 2023). Ген *Ry_{chc}* в 1982 г. введен в сорт 'Konafubuki' от удвоенной (2n = 48) формы *S. chacoense* «w84» (Asama et al., 1982). Ген был картирован на длинном плече хромосомы 9 (Takeuchi et al., 2008). Все клонированные гены *Ry_{sto}* и *Ry_{chc}* кодиру-

ют белок, состоящий из домена связывания нуклеотидов, домена с богатыми лейцином повторами (NB-LRR) и с N-концевым доменом, подобным Toll/интерлейкиновому рецептору (TIR). Клонированные гены *Ry_{chc}* имеют нуклеотидные последовательности размером 4108 и 4175 пн, уровень сходства которых составляет 98%, и различаются нуклеотидными заменами, инсерциями и делециями, приводящими к заменам аминокислот (Akai et al., 2023). Оба варианта гена *Ry_{chc}* являются эффективными аллелями со схожими функциями. К. Asano и J. B. Endelman переименовали *Ry_{chc}* от 'Konafubuki' и от *S. chacoense* 40-3 в *Ry_{chc}*-1 и *Ry_{chc}*-2 соответственно и разработали KASP-маркер (*Ry₃₃₃₁*) для дифференциации двух аллелей на основе замены C/T в позиции 3331 последовательности гена (Asano, Endelman, 2024).

Присутствие гена *Ry_{chc}* в отечественных сортах картофеля исследовано с помощью маркеров 38-530 (RAPD) и Ry186 (STS), тесно сцепленных с геном *Ry_{chc}* (Biryukova et al., 2015; Gavrilenko et al., 2018). Среди образцов селекционно-генетической коллекции картофеля в Федеральном исследовательском центре имени А.Г. Лорха (ФИЦ им. Лорха) маркер 38-530 детектирован у 65% образцов, в том числе у сортов, в родословной которых присутствуют *S. chacoense* (f. *garciae* 55d и f. *commersonii* 58d), – 'Никулинский', 'Брянский Деликатес', 'Брянский Надежный', 'Ветеран', 'Русский Сувенир', 'Слава Брянщины', 'Лакомка' и 'Метеор'. Более специфичный маркер Ry186 обнаружен у сорта 'Белоснежка', созданного на основе другой формы *S. chacoense*, и у сорта 'Башкирский' (Biryukova et al., 2015). Среди селекционного материала Научно-практического центра НАН Беларуси по картофелеводству и плодоовощеводству, полученного на основе сложных межвидовых гибридов и обладающего высокой устойчивостью к YBK, обнаружена высокая частота (45,2% и 50,5% соответственно) маркеров RAPD38-530 и Ry364 гена *Ry_{chc}* и редкая (2,1%) встречаемость маркера Ry186 (Voronkova et al., 2019). Идентификация функциональных аллелей с помощью внутрингенных маркеров позволяет надежно контролировать наследование желаемого признака и проводить отбор ценных сегрегантов в гибридном потомстве на ранних этапах селекционной работы. В селекционных программах США проводят тестирование на наличие маркеров *Ry*-генов уже во второй год испытаний, что позволяет отбирать устойчивое потомство от устойчивых к YBK родителей, когда еще недостаточно материала для тестирования на устойчивость к вирусу в полевых условиях (Elison et al., 2020). Для разработки отечественной программы маркер-опосредованной селекции картофеля на устойчивость к YBK необходимы сведения о генетическом контроле признака устойчивости у сортов и межвидовых гибридов картофеля, используемых как родительские формы для скрещивания. Цель работы – оценить отечественные сорта, клоны межвидовых гибридов и образцы *S. chacoense* в коллекции ВИР на наличие гена *Ry_{chc}* и разработать эффективный CAPS-маркер, позволяющий дифференцировать аллели гена *Ry_{chc}*.

Материал и методы

Материал исследования

Изучены 10 отечественных сортов картофеля, в родословных которых, по данным оригинаторов, присутствуют формы *S. chacoense*, 25 клонов межвидовых гибридов, созданных в ВИР на основе генотипа 3-29-2 – источника устойчивости к YBK, отобранного среди сеянцев образца *S. chacoense* (к-19759), и 31 генотип из 10 образцов *S. cha-*

coense. Образцы *S. chacoense* сохраняются в ВИР в коллекции семян и в виде клоновых растений. Ранее образцы *S. chacoense* к-2732, к-2861, к-7394, к-19769, к-21848, к-21849, к-21854 и к-22638 (растения-сеянцы и последующей первой клубневой репродукции) были охарактеризованы по устойчивости к УВК и наличию маркера *Ry186* (Rogozina et al., 2019); их дальнейшее воспроизводство осуществляли путем ежегодного выращивания клонов в теплице. В нашем опыте выборка *S. chacoense* дополнена клоновыми растениями образцов к-19259, к-22687. В качестве контролей взяты российский сорт 'Захар' и белорусский сорт 'Бриз' (табл. 1).

Методы

Иммунологическая оценка сортов и гибридов картофеля, образцов *S. chacoense*

Сорта оценены по устойчивости к УВК в условиях естественного распространения вирусной инфекции при выращивании на опытном поле научно-производственной базы (НПБ) «Пушкинские и Павловские лаборатории ВИР», где регулярный мониторинг выявляет высокую частоту встречаемости вирусной инфекции у растений картофеля (Rogozina, Gurina, 2023). Диагностика поражения растений сортового картофеля УВК проведена методом иммуноферментного анализа (ИФА,

Таблица 1. Изученные сорта и гибридные клоны картофеля

Table 1. The studied potato cultivars and hybrid clones

Сорт, гибридный клон	Номер по каталогу ВИР ¹	Происхождение ²	Оригинатор	Устойчивость к вирусам ³
'Башкирский'	25338	'Белоусовский' × 289/82-3	Башкирский НИИСХ, ФИЦ им. Лорха	Устойчивость к полосчатой и морщинистой мозаике
'Белоснежка'	12211	'Невский' × Г-264	ФИЦ им. Лорха	Нет данных
'Бриз'	24619	'Явар' × 'Дельфин'	РУП НПЦ НАН Беларуси по картофелеводству и плодоовощеводству	Устойчивость к тяжелым формам вирусных заболеваний
'Брянский Деликатес'	11996	'Биния' × 591m-29 (<i>Ry</i>)	ФИЦ им. Лорха	Устойчивость к полосчатой и морщинистой мозаике
'Брянский Надежный'	12160	'Зарево' × 'Пересвет' (<i>Ry</i>)	ФИЦ им. Лорха	Устойчивость к полосчатой и морщинистой мозаике
'Ветеран'	12210	Эффект × 9к-29 (78.8/13 (<i>Ry_{chc'}</i> <i>Ry_{sto}</i>) × 'Зарево')	Пензенский НИИСХ, ФИЦ им. Лорха	Устойчив к УВК
'Захар'	25513	'Спиридон' × 'Невский'	Южно-Уральский НИИ садоводства и картофелеводства	Восприимчив к УВК
'Лакомка'	12169	1387-5 × 9к-29 (78.8/13 (<i>Ry_{chc'}</i> <i>Ry_{sto}</i>) × 'Зарево')	ФИЦ им. Лорха	Устойчив к УВК
'Метеор'	25212	84.19/44 × 'Шурминский-2'	ФИЦ им. Лорха	Очень высокая устойчивость к УВК
'Никулинский'	12171	'Мавка' × 'Пересвет' (<i>Ry</i>)	ФИЦ им. Лорха	Иммунитет к УВК
'Русский Сувенир'	12092	281m-2 × 9к-29 (78.8/13 (<i>Ry_{chc'}</i> <i>Ry_{sto}</i>) × 'Зарево')	Пензенский НИИСХ, ФИЦ им. Лорха	Устойчивость к УВК
'Слава Брянщины'	12176	'Ресурс' (<i>Ry_{sto}</i>) × 655m-30 (<i>Ry_{chc'}</i>)	ФИЦ им. Лорха	Устойчивость к полосчатой и морщинистой мозаике
8-1-2004	25621	<i>S. okadae</i> к-20921 × <i>S. chacoense</i> к-19759	ВИР	Иммунитет к УВК
8-3-2004	Б. н.	То же	То же	То же

Таблица 1. Окончание

Table 1. The end

Сорт, гибридный клон	Номер по каталогу ВИР ¹	Происхождение ²	Оригинатор	Устойчивость к вирусам ³
8-5-2004	П576	То же	То же	То же
8-8-2004	П261	То же	То же	То же
135-2-2005	П553	То же	То же	Восприимчив к УВК
135-3-2005	П263	То же	То же	Иммунитет к УВК
135-4-2005	П555	То же	То же	То же
135-5-2005	П260	То же	То же	То же
99-10-1	П243	'Bobr' × <i>S. chacoense</i> к-19759	То же	Очень высокая устойчивость к УВК
921-11	Б. н.	99-10-1 × 'Русский Сувенир'	То же	Восприимчив к УВК
921-13	Б. н.	То же	То же	Очень высокая устойчивость к УВК
921-18	Б. н.	То же	То же	То же
921-21	Б. н.	То же	То же	То же
921-25	Б. н.	То же	То же	То же
921-30	Б. н.	То же	То же	То же
921-40	Б. н.	То же	То же	Восприимчив к УВК
921-41	Б. н.	То же	То же	То же
921-61	Б. н.	То же	То же	Очень высокая устойчивость к УВК
921-91	Б. н.	То же	То же	Восприимчив к УВК
922-1	Б. н.	135-5-2005 × 'Бриз'	То же	То же
922-11	Б. н.	То же	То же	Восприимчив к УВК
922-18	Б. н.	То же	То же	Очень высокая устойчивость к УВК
922-27	Б. н.	То же	То же	Восприимчив к УВК
922-60	Б. н.	То же	То же	Очень высокая устойчивость к УВК
922-63	Б. н.	То же	То же	То же

Примечание: ¹ – П... – временный каталог, Б. н. – номер отсутствует; ² – в скобках ген, контролирующий устойчивость к УВК, по данным оригинатора (Yashina et al., 2007); ³ – устойчивость сортов и гибридов, по данным оригинаторов (Yashina et al., 2007; Rogozina et al., 2018)

Note: ¹ – П... – temporary catalogue, Б. н. – no number; ² – parenthesized is the gene controlling PVY resistance, according to the originator (Yashina et al., 2007); ³ – resistance of cultivars and hybrids, according to the originators (Yashina et al., 2007; Rogozina et al., 2018)

ELISA – enzyme-linked immunosorbent assay) «сэндвич-вариант» с использованием отечественной тест-системы производства НПО «БиоТехнологии» при ФИЦ им. Лорха (Москва, Коренево). Каждый сорт представлен тремя – пятью растениями, у которых анализировали объединенную пробу, собирая листья со среднего яруса в стадии «бутионизация – начало цветения» растений. ИФА выполняли в двукратной повторности, результаты оценивали визуально согласно рекомендациям производителя.

Клон 99-10-1 и гибриды поколения F_1 (*S. okadae* к-20921 × *S. chacoense* к-19759), F_1 (99-10-1 × 'Русский Сувенир') и F_1 (135-5-2005 × 'Бриз') ранее оценены по устойчивости к YBK стандартными методами искусственного заражения – механической инокуляции и прививки (Biyukova et al., 2022). В нашем опыте все клоновые растения *S. chacoense* и гибриды картофеля оценены на наличие YBK методом ИФА в двукратной повторности.

Молекулярно-генетический анализ

Выделение ДНК выполнено индивидуально из одного – шести растений каждого образца СТАВ-буфером, рН = 8,0 (Gavrilenko et al., 2013). Гомогенизацию растительной ткани проводили на приборе TissueLyser LT (QIAGEN, Нидерланды) в течение 45 сек. Для проверки качества ДНК и исключения ложноотрицательных результатов в качестве внутреннего контроля использовали ген «домашнего хозяйства» актин GenBank: XM_015308091.1 (<https://blast.ncbi.nlm.nih.gov>). ПЦР проводили с помощью праймеров: F(5'–GCTTCCCGATGGTC AAGTCA-3'), R(5'–GGATTCCAGCTGCTTCCATTC-3').

Идентификация гена Ry_{chc} с помощью молекулярных маркеров

Для амплификации маркерных фрагментов гена Ry_{chc} локализованных в области четвертого интрона и 3'-фланкирующей последовательности, использовали две пары праймеров MG64-17 и MG64-17-1 (табл. 2). ПЦР проводили по протоколу, предложенному G. Li et al. (2022).

Разработка CAPS-маркера ($CAPS_{Ry_{chc}}$) для дифференциации аллелей Ry_{chc-1} и Ry_{chc-2} .

Референсные нуклеотидные последовательности аллелей гена Ry_{chc} идентифицированные G. Li et al. (2022) и K. Akai et al. (2023) и обозначенные K. Asano и J. B. Endelman (2024) как Ry_{chc-2} и Ry_{chc-1} соответственно, были отобраны из базы данных NCBI (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov>). Выравнивание последовательностей проводили с помо-

щью программ MEGA7 (Kumar et al., 2016) и BioEdit (Hall, 1999). По аналогии с KASP-маркером, предложенным K. Asano и J. B. Endelman (2024), замену C/T в позиции 3331, дифференцирующую аллели Ry_{chc-1} и Ry_{chc-2} , идентифицировали с помощью рестриктазы *Tru9 I* по протоколу фирмы производителя SibEnzyme (Россия). Сайт для узнавания *Tru9 I* (TTAA) встречается в последовательности маркерного фрагмента MG64-17-1 у варианта Ry_{chc-1} (GenBank: LC726345.1) два раза, а у Ry_{chc-2} (GenBank: ON553756.1) – три. В результате электрофоретический профиль фрагментов рестрикции маркера первого аллеля должен включать 3 фрагмента длиной 393, 297 и 7 пн, а второго аллеля – 4 фрагмента: 393, 165, 126 и 7 пн (фрагмент 7 пн при электрофорезе не идентифицируется). Маркер опробовали на 10 отечественных сортах картофеля, клонках межвидовых гибридов, созданных в ВИР на основе образца *S. chacoense* (к-19759), и 31 генотипе из 10 образцов *S. chacoense* (рис. 1).

Электрофорез продуктов амплификации и рестрикции проводили в 1,5–3-процентном агарозном геле с последующим окрашиванием с помощью бромистого этидия.

Клонирование ПЦР-продуктов

Ампликоны MG64-17-1 образцов 'Белоснежка' и 'Башкирский', имеющие гибридный профиль после обработки фрагмента рестриктазой *Tru9 I*, клонировали в векторе pAL-TA («Евроген», Москва). Лигирование вектора со вставкой проводили согласно протоколу, рекомендованному фирмой «Евроген» (<http://evrogen.ru/kit-user-manuals/pAL-TA.pdf>). Для химической трансформации использовали компетентные клетки *E. coli* XL1-Blue («Евроген», Москва). Отбор клонов проводили при помощи ПЦР с праймерами M13.

Секвенирование ампликонов MG64-17-1

Фрагменты MG64-17-1 сортов 'Белоснежка' и 'Башкирский' (предварительно клонированные) и образца к-2732 *S. chacoense* были секвенированы. Фрагменты выделяли из ПЦР смеси с помощью набора Cleanup Mini («Евроген», Москва), секвенировали по методу Сэнгера на приборе ABI 3500xl Genetic Analyzer (Applied Biosystems, США) в ЦКП «Геномные технологии, протеомика и клеточная биология» Всероссийского научно-исследовательского института сельскохозяйственной микробиологии. Секвенировали по две пробы каждого образца. Последовательности секвенированных фрагментов были зарегистрированы в базе данных NCBI: PX309300–PX309303.

Таблица 2. Характеристика SCAR-маркеров MG64-17 и MG64-17-1 (Li et al., 2022)

Table 2. Characteristics of the SCAR markers MG64-17 and MG64-17-1 (Li et al., 2022)

Название маркера / Marker	Название праймера / Primer	Последовательность праймеров (5'→3') / Primer sequence (5'→3')	Tm (°C)	Предполагаемый размер, пн / Expected size, bp	Позиции в референсной последовательности GenBank: LC726345.1 / Position on reference sequence GenBank: LC726345.1	Ссылка / Source
MG64-17-1	MG64-17-1F	ACAACGTCTCTGCCAGTGCGATC	55	Около 690	3167–3862	Li et al., 2022
	MG64-17-1R	ACCGTTGTTGAGCTACTTGT				
MG64-17	MG64-17-F	TAAGTAAGAACTACTTATTCTCCG	55	Около 890	3292–4188	
	MG64-17-R	GTTTGACAACCTCCCTAGTATAAA				

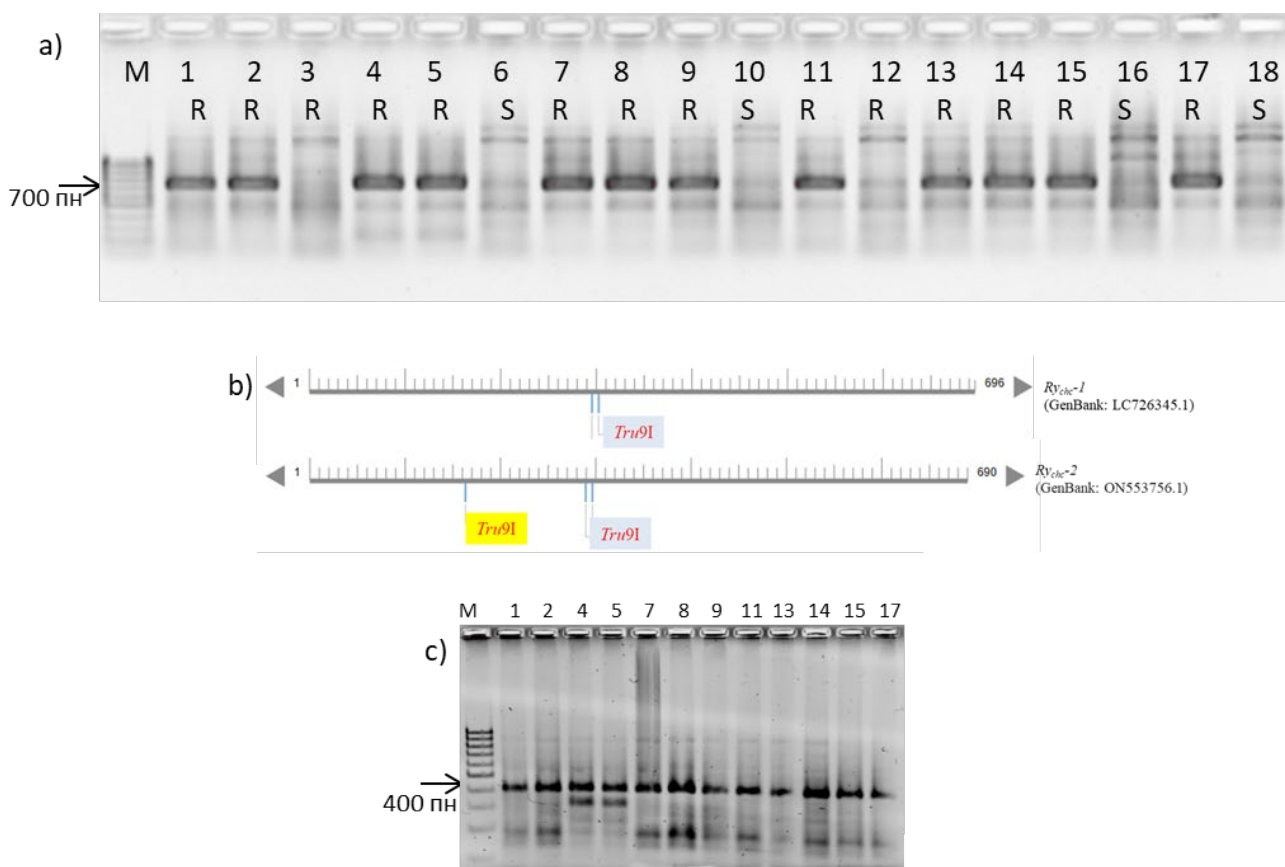


Рис. 1. CAPS-маркер для дифференциации аллелей Ry_{chc-1} и Ry_{chc-2} .

а) Маркерные фрагменты гена устойчивости Ry_{chc} амплифицированные с помощью праймеров MG64-17-1 по протоколу, предложенному G. Li et al. (2022). Ожидаемые размеры фрагментов 696 пн или 690 пн для двух известных аллелей Ry_{chc-1} и Ry_{chc-2} , представленных в базе нуклеотидных последовательностей NCBI – GenBank: LC726345.1 и GenBank: ON553756.1 соответственно.

б) Сайты узнавания для рестриктазы *TruI* 9 (TTAA) в последовательностях MG64-17-1. Маркерный сайт 3331, включающий замену C/T и позволяющий дифференцировать Ry_{chc-1} и Ry_{chc-2} , выделен желтым цветом.

с) Профиль продуктов рестрикции в 3-процентном агарозном геле: три фрагмента для Ry_{chc-2} (393, 165 и 126 пн) и два фрагмента для Ry_{chc-1} (393 и 297 пн).

1 – 921-13; 2 – 921-21; 3 – гибрид F_1 ('Bobr' × *S. chacoense* κ-19759); 4 – 'Башкирский'; 5 – 'Белоснежка'; 6 – 'Бриз'; 7 – 'Брянский Деликатес'; 8 – 'Брянский Надежный'; 9 – 'Ветеран'; 10 – 'Захар'; 11 – 'Лакомка'; 12 – 'Метеор'; 13 – 'Никулинский'; 14 – 'Русский Сувенир'; 15 – 'Слава Брянщины'; 16 – 921-11; 17 – 921-18; 18 – 135-2-2005.

М – маркер молекулярного веса Step100 («Биолабмикс», Москва).

Р – устойчивые к YBK образцы картофеля; **С** – восприимчивые

Fig. 1. The CAPS marker to discriminate between the Ry_{chc-1} and Ry_{chc-2} alleles.

a) Marker fragments of the Ry_{chc} resistance gene amplified with primers MG64-17-1 according to the protocol proposed by G. Li et al. (2022). The expected fragment sizes are 696 bp or 690 bp for the two known alleles Ry_{chc-1} and Ry_{chc-2} , presented in the NCBI nucleotide sequence database – GenBank: LC726345.1 and GenBank: ON553756.1, respectively.

b) Recognition sites for the *TruI* 9 (TTAA) restriction enzymes in the fragments of MG64-17-1. Marker site 3331 containing the C/T substitution that makes it possible to discriminate between Ry_{chc-1} and Ry_{chc-2} is highlighted in yellow.

c) Restriction enzyme digestion pattern following electrophoresis on a 3% agarose gel: three bands for Ry_{chc-2} (393, 165, and 126 bp) and two bands for Ry_{chc-1} (393, and 297 bp).

1 – 921-13; 2 – 921-21; 3 – F_1 hybrid ('Bobr' × *S. chacoense* κ-19759); 4 – 'Bashkirsky'; 5 – 'Belosnezhka'; 6 – 'Briz'; 7 – 'Bryansky Delikates'; 8 – 'Bryansky Nadezhny'; 9 – 'Veteran'; 10 – 'Zakhar'; 11 – 'Lakomka'; 12 – 'Meteor'; 13 – 'Nikulinsky'; 14 – 'Russky Suvenir'; 15 – 'Slava Bryanshchiny'; 16 – 921-11; 17 – 921-18; 18 – 135-2-2005.

M – molecular weight marker Step100 (Biolabmix, Moscow).

R – potato accessions resistant to YPV; **S** – susceptible

Статистический анализ данных выполнен в программе Statistica StatSoft 13 (<http://statsoft.ru/products>) с использованием критерия хи-квадрат. Дендрограмма построена методом UPGMA (невзвешенный попарный метод с арифметическим средним) в программе MEGA7 (Kumar et al., 2016).

Результаты и обсуждение

Оценка образцов *S. chacoense* на устойчивость к YBK и верификация SCAR-маркеров MG64-17 и MG64-17-1

Образцы *S. chacoense*, характеризовавшиеся контрастными фенотипами по реакции на YBK (рис. 2), использованы для верификации ДНК-маркеров гена Ry_{chc} (табл. 3). Проведен скрининг 31 генотипа *S. chacoense*, представляющих 10 коллекционных образцов в составе активной коллекции ВИР (см. табл. 3). Из 17 генотипов *S. chacoense* (см. рис. 2), устойчивых к YBK, у 15 генотипов присутствуют оба маркера гена Ry_{chc} ; у *S. chacoense* (к-2732) генотип с537-19 найден только маркер MG64-17-1, у *S. chacoense* (к-19759) с3-42-2 – только маркер MG64-17. Из 14 генотипов *S. chacoense*, неустойчивых к YBK, оба маркера обнаружены у *S. chacoense* (к-22638) с548-2 и один маркер MG64-17 – у *S. chacoense* (к-7394) с541-14. Обнаруженные нами единичные случаи маркер-положительных, но восприимчивых к YBK генотипов *S. chacoense* согласуются с результатами скрининга более представительной выборки – 60 генотипов *S. chacoense* из коллекции ВИР с использованием маркеров MG64-17 и 1648F24/1648R22 (Antipov et al., 2025).

Сопоставление данных молекулярного анализа и иммунологической оценки 31 генотипа *S. chacoense* свидетельствует о тесной связи между наличием маркеров MG64-17 и MG64-17-1 и устойчивостью *S. chacoense* к YBK. Рассчитанные значения χ^2 составили 16,95 и 20,07 соответственно, $p < 0,001$ (d.f. = 1, $\chi^2_{0,05} = 3,84$, $\chi^2_{0,01} = 6,63$).

В нашем опыте представлено 27 генотипов *S. chacoense*, ранее охарактеризованных по устойчивости к YBK

и наличию маркера Ry_{186} . Совпадение между наличием/отсутствием внутригенных маркеров MG64-17 и MG64-17-1 и STS-маркера Ry_{186} , сцепленного с Ry_{chc} , составило 36%. При анализе обширной выборки *S. chacoense* (170 генотипов) маркер Ry_{186} был обнаружен только у семи генотипов (Rogozina et al., 2019). В нашем исследовании оба маркера гена Ry_{chc} обнаружены у образца из семьи 7394 (с541-1), у которого ранее был найден маркер Ry_{186} , а также у образцов из семей к-2732, к-2861, к-19769, к-21849, к-21854 и к-22638, у которых маркер Ry_{186} не был выявлен.

Оценка сортов и гибридов картофеля на устойчивость к YBK и верификация SCAR-маркеров MG64-17 и MG64-17-1

Скрининг сортов и гибридных клонов картофеля с использованием маркеров MG64-17 и MG64-17-1 выявил наличие маркера MG64-17 у шести сортов, в том числе у четырех сортов, созданных на основе форм *S. chacoense* (f. *garciae* 55d и f. *commersonii* 58d), и у семи клонов поколения F_1 (99-10-1 × 'Русский Сувенир'). Маркер MG64-17-1 найден у девяти сортов, в том числе у всех семи близкородственных сортов, и у шести клонов поколения F_1 (99-10-1 × 'Русский Сувенир'). По результатам ИФА сорт 'Бриз' отнесен к категории восприимчивых, а сорт 'Белоснежка' – устойчивых к YBK образцов. Таким образом, у 11 устойчивых к YBK образцов: сортов 'Брянский Деликатес', 'Брянский Надежный', 'Ветеран', 'Лакомка', 'Башкирский', 'Белоснежка' и гибридных клонов 921-13, 921-21, 921-25, 921-41 и 921-61 присутствуют оба маркера гена Ry_{chc} (табл. 4).

Сопоставление данных молекулярного анализа и иммунологической оценки сортов и гибридных клонов картофеля свидетельствует о связи между наличием маркера MG64-17-1 и устойчивостью к YBK: $\chi^2 = 4,01$, $p = 0,046$ (d.f. = 1, $\chi^2_{0,05} = 3,84$). Связи между наличием маркера MG64-17 и устойчивостью к YBK не выявлено. Маркеры гена Ry_{chc} не найдены у гибридных клонов, созданных в ВИР на основе источника устойчивости к YBK – геноти-

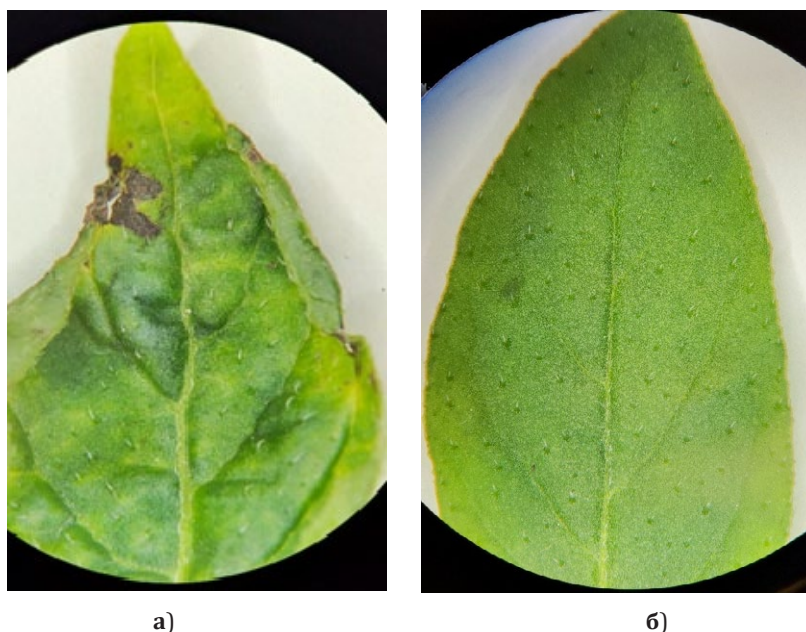


Рис. 2. Листья контрастных по устойчивости к YBK растений *Solanum chacoense* Bitt.: а) образец 546-5 (S), маркеры гена Ry_{chc} не идентифицированы; б) образец 546-19 (R), присутствуют оба маркера гена Ry_{chc}

Fig. 2. Leaves of *Solanum chacoense* Bitt. plants contrasting in resistance to PVY: а) accession 546-5 (S), markers of the Ry_{chc} gene are not identified; б) accession 546-19 (R), both markers of the Ry_{chc} gene are present

Таблица 3. Молекулярно-генетический скрининг растений *Solanum chacoense* Bitt.Table 3. Molecular genetic screening of *Solanum chacoense* Bitt. plants

Номер по каталогу ВИР	Всего генотипов	Число устойчивых	Из них с маркером MG64-17	Из них с маркером MG64-17-1	Число восприимчивых	Из них с маркером MG64-17	Из них с маркером MG64-17-1
2732	7	7	6	7	0	–	–
2861	2	2	2	2	0	–	–
7394	4	1	1	1	3	1	0
19259	2	0	0	0	2	0	0
19759	1	1	1	0	0	–	–
19769	4	3	3	3	1	0	0
21849	4	1 (HS)	1	1	3	0	0
21854	3	1	1	1	2	0	0
22638	3	1 (HS)	1	1	2	1	1
22687	1	0	–	–	1	0	0
Итого	31	17	16	16	14	2	1

Примечание: HS – гиперчувствительный ответ на искусственное заражение YBK

Note: HS – hypersensitive response to artificial infection with PVY

Таблица 4. Молекулярно-генетический скрининг сортов и гибридных клонов картофеля

Table 4. Molecular genetic screening of potato cultivars and hybrid clones

Группа	Название сорта, селекционный номер гибрида*	Число генотипов	Из них с маркером MG64-17	Из них с маркером MG64-17-1
Сорта с геном <i>Ru</i> , по данным оригинатора	‘Брянский Деликатес’, ‘Брянский Надежный’, ‘Ветеран’, ‘Лакомка’, ‘Никулинский’, ‘Русский Сувенир’, ‘Слава Брянщины’	7	4	7
Сорта, устойчивые к YBK	‘Башкирский’, ‘Белоснежка’, ‘Метеор’	3	2	2
Сорта, восприимчивые к YBK	‘Захар’, ‘Бриз’	2	0	0
Гибрид F ₁ (‘Bobr’ × <i>S. chacoense</i> к-19759), устойчивый к YBK	99-10-1	1	0	0
Гибриды F ₁ (<i>S. okadae</i> к-20921 × <i>S. chacoense</i> к-19759), устойчивые к YBK	8-1-2004, 8-3-2004, 8-5-2004, 8-8-2004, 135-3-2005, 135-4-2005, 135-5-2005	7	0	0
Гибрид F ₁ (<i>S. okadae</i> к-20921 × <i>S. chacoense</i> к-19759), восприимчивый к YBK	135-2-2005	1	0	0
Гибриды F ₁ (99-10-1 × ‘Русский сувенир’), устойчивые к YBK	921-13, 921-18, 921-21, 921-25, 921-30, 921-41, 921-61, 921-91	8	6	6
Гибриды F ₁ (99-10-1 × ‘Русский сувенир’), восприимчивые к YBK	921-11, 921-40	2	1	0
Гибриды F ₁ (135-5-2005 × ‘Бриз’), устойчивые к YBK	922-1, 922-18, 922-60, 922-63	4	0	0
Гибриды F ₁ (135-5-2005 × ‘Бриз’), восприимчивые к YBK	922-11, 922-27	2	0	0

Примечание: * – шрифтом выделены сорта и гибриды, у которых найдены оба маркера

Note: * – potato cultivars and hybrid clones with both DNA markers are boldfaced

па 3-29-2 образца *S. chacoense* (к-19759), то есть у клонов 99-10-1, поколения F_1 (*S. okadae* к-20921 × *S. chacoense* к-19759) и потомства от скрещивания клон 135-5-2005 (*S. okadae* к-20921 × *S. chacoense* к-19759) с сортом 'Бриз' (см. табл. 4). Следует отметить, что у генотипа 3-42-5, устойчивого к YBK и также отобранного среди сеянцев образца *S. chacoense* (к-19759), найден только маркер MG64-17 (см. табл. 3).

Идентификация аллелей гена Ry_{chc} с помощью маркера CAPS $_{Ry_{chc}}$

В пул современных сортов картофеля ген устойчивости к YBK был введен дважды. Донорами устойчивости были образцы *S. chacoense* «w84» и 40-3. Тимин или цитозин в позиции 3331 четвертого интрона полной последовательности гена (нумерация нуклеотидов приведена в соответствии с последовательностью гена GenBank: LC726345.1) являются маркерными SNP, позволяющими дифференцировать эти два аллеля (Asano, Endelman, 2024). В рамках данного исследования разработан маркер CAPS $_{Ry_{chc}}$, позволяющий дифференцировать замену Т/С в позиции 3331 и, следовательно, идентифицировать аллели Ry_{chc} -1 и Ry_{chc} -2 (см. Материал и методы). В исследованном пуле образцов все ампликоны MG64-17-1 после обработки рестриктазой *Tru91* имели профили 393 + 165 + 126 пн – маркеры аллеля Ry_{chc} -2. Для проверки результата ампликоны MG64-17-1, полученные у трех генотипов образца *S. chacoense* (к-2732), были клонированы и секвенированы. Все полученные у *S. chacoense* нуклеотидные последовательности оказались идентичны фрагменту Ry_{chc} -2 (GenBank: ON553756.1). Таким образом, по нашим данным, аллелем гена Ry_{chc} -2 за-

щищены 16 образцов *S. chacoense*, 6 гибридных клонов F_1 (99-10-1 × 'Русский Сувенир') и 9 сортов картофеля. Наличие этого маркера у сорта 'Русский Сувенир' подтверждает мнение В. А. Бирюковой с соавторами (Birjukova et al., 2022) о возможном вкладе этой родительской формы в обеспечение защиты гибридов популяции F_1 (99-10-1 × 'Русский Сувенир') от YBK. Ранее при скрининге популяции гибридных клонов F_1 (99-10-1 × 'Русский Сувенир') на наличие маркера YES3-3A гена Ry_{sto} , присутствующего у материнской формы – клон 99-10-1, маркер YES3-3A не был обнаружен у 22 из 69 устойчивых к YBK гибридов (Birjukova et al., 2022). Среди таких маркер-отрицательных, но устойчивых к YBK образцов были клоны 921-13, 921-25, 921-41 и 921-91.

У сортов 'Белоснежка' и 'Башкирский' в рестрикционном профиле ампликонов, полученных с помощью праймеров MG64-17-1, помимо компонентов 393 + 165 + 126 пн, характерных для второго аллеля, был найден дополнительный фрагмент длиной 297 пн – маркер аллеля Ry_{chc} -1 (см. рис. 1). Для верификации ампликонов MG64-17-1, полученных у этих образцов, фрагменты были клонированы, секвенированы и последовательности были депонированы в международную базу NCBI (GenBank: PX309300–PX309303). В обоих сортах найдены два варианта последовательностей, которые различаются SNP в позиции 3331 пн, на 99-100% сходны с последовательностями GenBank: LC726345.1 и GenBank: ON553756.1 и, следовательно, являются аллелями Ry_{chc} -1 и Ry_{chc} -2. Оба фрагмента имеют специфичные для гена Ry_{chc} нуклеотиды AG в позициях 3308–3309 пн, которые являются отличительным признаком эффективных аллелей гена Ry_{chc} от гомологов (Asano, Endelman, 2024) (рис. 3, А).

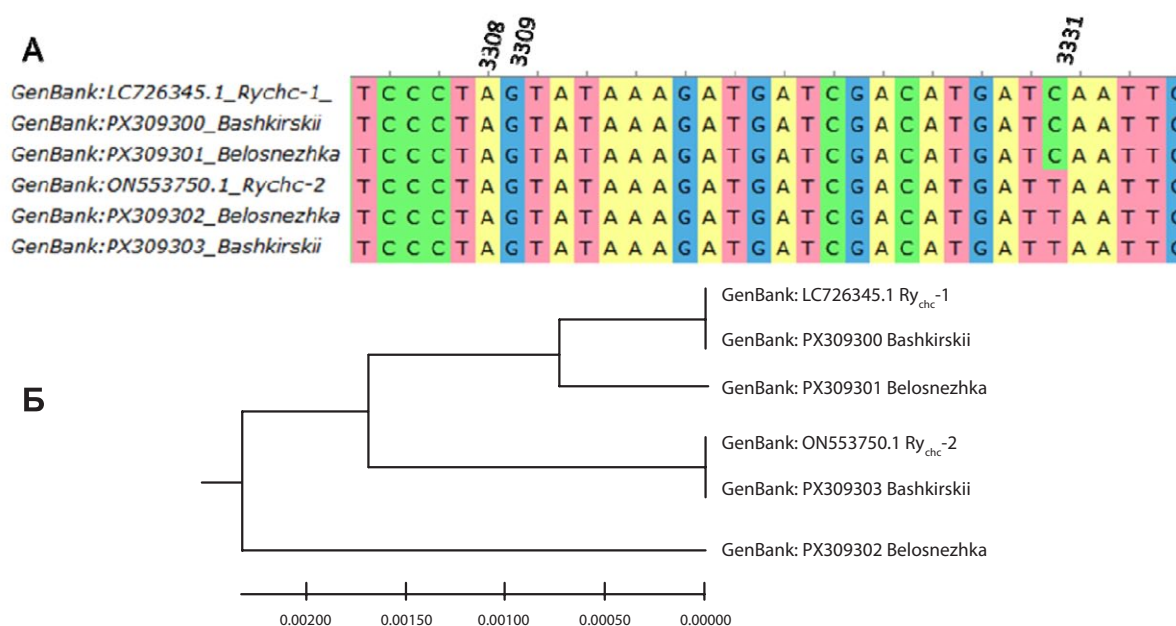


Рис. 3. Нуклеотидный полиморфизм маркерного фрагмента гена Ry_{chc} (MG64-17-1) у сортов 'Белоснежка', 'Башкирский' в сравнении с референсными последовательностями Ry_{chc} -1 (GenBank: LC726345.1) и Ry_{chc} -2 (GenBank: ON553756.1). Нумерация нуклеотидов приведена в соответствии с последовательностью GenBank: LC726345.1. А – маркерный для гена Ry_{chc} вариант в позициях 3308–3309 пн (AG) и SNP в позиции 3331 пн (C/T), позволяющий различить два аллеля Ry_{chc} . Б – UPGMA-дендрограмма сходства нуклеотидных последовательностей MG64-17-1 у сортов 'Белоснежка', 'Башкирский' и референсных фрагментов

Fig. 3. SNPs in the MG64-17-1 marker fragments from cvs. 'Belosnezhka' and 'Bashkirsky' compared to the reference sequences Ry_{chc} -1 (GenBank: LC726345.1) and Ry_{chc} -2 (GenBank: ON553756.1). Nucleotide numbering is given in accordance with the GenBank: LC726345.1 sequence. А – the marker variant for Ry_{chc} at positions 3308–3309 bp (AG) and the SNP at position 3331 bp (C/T), which makes it possible to distinguish between the Ry_{chc} -1 and Ry_{chc} -2 alleles. Б – UPGMA dendrogram of similarity between MG64-17-1 nucleotide sequences in cvs. 'Belosnezhka' and 'Bashkirsky', and the reference fragments

У сорта 'Белоснежка' обнаружены дополнительные полиморфные сайты по сравнению с референсными последовательностями Ry_{chc} -1 и Ry_{chc} -2. Вариант Ry_{chc} -1 сорта 'Белоснежка' отличался от GenBank: LC726345.1 одной заменой А/С в 3'-нетранслируемой области (3'UTR), а вариант Ry_{chc} -2 отличался от последовательности GenBank: ON553756.1 двумя заменами в белок-кодирующем участке и одной заменой в области 3'UTR. Одна из замен в кодирующей области варианта Ry_{chc} -2 у сорта 'Белоснежка' – синонимическая С/А, вторая – несинонимическая Т/С, которая приводит к эквивалентной замене неполярных гидрофобных аминокислот фенилаланина на лейцин. У сорта 'Башкирский' не обнаружено замен в исследованных областях (см. рис. 3, Б). На основании данных об SNP в нуклеотидных последовательностях участка гена Ry_{chc} можно предположить, что отечественный сорт 'Белоснежка' создан с использованием форм *S. chacoense*, отличных от «w84» и 40-3.

Заключение

Таким образом, 16 образцов *S. chacoense*, 6 гибридных клонов F_1 (99-10-1 × 'Русский Сувенир') и 9 сортов из исследованного пула образцов картофеля защищены аллелем гена устойчивости Ry_{chc} -2, а сорта 'Башкирский' и 'Белоснежка' – двумя аллелями Ry_{chc} -1 и Ry_{chc} -2. К. Asano и J. B. Endelman не нашли различий в эффективности аллелей, полученных от форм *S. chacoense* «w84» и 40-3 (Asano, Endelman, 2024). Сравнение вариантов последовательностей гена Ry_{chc} , найденных у отечественного сорта 'Белоснежка' и, вероятно, имеющих другое происхождение, может представлять интерес для селекционеров, а гетерозиготные по данному признаку сорта 'Белоснежка' и 'Башкирский' могут служить исходным материалом для таких исследований. Отечественные сорта 'Белоснежка' и 'Башкирский', защищенные аллелями гена Ry_{chc} , являются ценным материалом для изучения особенностей взаимодействия растений картофеля с разными изолятами или штаммами YBK. Разработанный нами маркер CAPS $_{Ry_{chc}}$ не требующий специального оборудования и более доступный по сравнению с KASP-маркером, предложенным К. Asano и J. B. Endelman (Asano, Endelman, 2024), может служить эффективным инструментом для дифференциации аллелей в расщепляющихся популяциях F_2 , полученных от самоопыления сортов 'Башкирский' и 'Белоснежка'.

References / Литература

- Akai K., Asano K., Suzuki C., Shimosaka E., Tamiya S., Suzuki T. et al. *De novo* genome assembly of the partial homozygous dihaploid potato identified PVY resistance gene (Ry_{chc}) derived from *Solanum chacoense*. *Breeding Science*. 2023;73(2):168-179. DOI: 10.1270/jsbbs.22078
- Antipov A., Gurina A., Zlobin N., Rogozina E. Role of Ry_{chc} gene diversity in the resistance of wild potato relative *Solanum chacoense* to potato virus Y. *Scientific Reports*. 2025. [preprint]
- Asama K., Ito H., Murakami N., Ito T. New potato variety Kona-fubuki. *Bulletin of Hokkaido Prefectural Agricultural Experiment Station*. 1982;48:75-84.
- Asano K., Endelman J.B. Development of KASP markers for the potato virus Y resistance gene Ry_{chc} using whole-genome resequencing data. *American Journal of Potato Research*. 2024;101:114-121. DOI: 10.1007/s12230-024-09944-8
- Basic Local Alignment Search Tool: [website]. Available from: <https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi> [accessed May 12, 2025].
- Biryukova V.A., Shmyglya I.V., Abrosimova S.B., Zapekina T.I., Meleshin A.A., Mityushkin A.V. et al. The search for sources of resistance genes to pathogens among the samples of plant breeding and genetics collections of All-Russian A.G. Loh Research Institute of Potato Farming using molecular markers. *Zashchita kartofelya = Potato Protection*. 2015;(1):3-7. [in Russian] (Бирюкова В.А., Шмыгля И.В., Абросимова С.Б., Запекина Т.И., Мелешин А.А., Митюшкин А.В. и др. Поиск источников генов устойчивости к патогенам среди образцов селекционно-генетических коллекций ВНИИКХ с использованием молекулярных маркеров. *Защита картофеля*. 2015;(1):3-7).
- Biryukova V.A., Zharova V.A., Chalaya N.A., Shmyglya I.V., Rogozina E.V. Molecular markers as tools in breeding for resistance to Potato Virus Y. *Agricultural Science Euro-North-East*. 2022;23(6):777-787. [in Russian] (Бирюкова В.А., Жарова В.А., Чалая Н.А., Шмыгля И.В., Rogozina E.V. Молекулярные маркеры как инструмент в селекции на устойчивость к Y-вирусу картофеля. *Аграрная наука Евро-Северо-Востока*. 2022;23(6):777-787). DOI: 10.30766/2072-9081.2022.23.6.777-787
- Bradshaw J.E. Potato breeding: theory and practice. Cham: Springer International Publishing; 2021. DOI: 10.1007/978-3-030-64414-7
- Elison G.L., Hall D.G., Novy R.G., Whitworth J.L. Development and application of a multiplex marker assay to detect PVY resistance genes in *Solanum tuberosum*. *American Journal of Potato Research*. 2020;97(3):289-296. DOI: 10.1007/s12230-020-09777-1
- Evrogen: pAL-TA vector: [website]. [in Russian] (Евроген: pAL-TA вектор [сайт]). URL: <http://evrogen.ru/kit-user-manuals/pAL-TA.pdf> [дата обращения: 12.05.2025].
- Gavrilenko T., Antonova O., Shuvalova A., Krylova E., Alpatieva N., Spooner D.M. et al. Genetic diversity and origin of cultivated potatoes based on plastid microsatellite polymorphism. *Genetic Resources and Crop Evolution*. 2013;60(7):1997-2015. DOI: 10.1007/s10722-013-9968-1
- Gavrilenko T.A., Klimenko N.S., Antonova O.Yu., Lebedeva V.A., Evdokimova Z.Z., Gadjiyev N.M. et al. Molecular screening of potato varieties bred in the northwestern zone of the Russian Federation. *Vavilov Journal of Genetics and Breeding*. 2018;22(1):35-45. [in Russian] (Гавриленко Т.А., Клименко Н.С., Антонова О.Ю., Лебедева В.А., Евдокимова З.З., Гаджиев Н.М. и др. Молекулярный скрининг сортов и гибридов картофеля северо-западной зоны Российской Федерации. *Вавиловский журнал генетики и селекции*. 2018;22(1):35-45). DOI: 10.18699/VJ18.329
- Grech-Baran M., Witek K., Szajko K., Witek A.I., Morgiewicz K., Wasilewicz-Flis I. et al. Extreme resistance to potato virus Y in potato carrying the Ry_{sto} gene is mediated by a TIR-NLR immune receptor. *Plant Biotechnology Journal*. 2020;18(3):655-667. DOI: 10.1111/pbi.13230
- Hall T.A. BioEdit: A user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows95/98/NT. *Nucleic Acids Symposium Series*. 1999;(41):95-98.
- Kreuze J.F., Souza-Dias J.A.C., Jeevalatha A., Figueira A., Valkonen J.P.T., Jones R. Viral diseases in potato. In: H. Campos, O. Ortiz (eds). *The Potato Crop. Its Agricultural, Nutritional and Social Contribution to Humankind*. Cham: Springer; 2020. p.389-430. DOI: 10.1007/978-3-030-28683-5_11

- Kumar S., Stecher G., Tamura K. MEGA7: Molecular Evolutionary Genetics Analysis version 7.0 for bigger datasets. *Molecular Biology and Evolution*. 2016;33(7):1870-1874. DOI: 10.1093/molbev/msw054
- Li G., Shao J., Wang Y., Liu T., Tong Y., Jansky S. et al. *Ry_{chc}* confers extreme resistance to potato virus Y in potato. *Cells*. 2022;11(16):2577. DOI: 10.3390/cells11162577
- Malko A., Frantsuzov P., Nikitin M., Statsyuk N., Dzhavakhiya V., Golikov A. Potato pathogens in Russia's regions: an instrumental survey with the use of real-time PCR/RT-PCR in matrix format. *Pathogens*. 2019;8(1):18. DOI: 10.3390/pathogens8010018
- NCBI. National Center for Biotechnology Information: [website]. Available from: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov> [accessed May 12, 2025].
- Rogozina E.V., Chalaya N.A., Beketova M.P., Biryukova V.A., Kirpicheva M.A., Kuznetsova M.A., Manankov V.V., Fadina O.A., Khlopyuk M.S., Khavkin E.E. Catalogue of the VIR global collection. Issue 866. Interspecific potato hybrids resistant to disease causative agents. St. Petersburg: VIR; 2018. [in Russian] (Рогозина Е.В., Чалая Н.А., Бекетова М.П., Бирюкова В.А., Кирпичева Т.В., Кузнецова М.А., Мананков В.В., Фади́на О.А., Хлопюк М.С., Хавкин Э.Е. Каталог мировой коллекции ВИР. Выпуск 866. Межвидовые гибриды картофеля, устойчивые к возбудителям болезней. Санкт-Петербург: ВИР; 2018).
- Rogozina E.V., Gurina A.A. Distribution of potato mosaic viruses on plants of the *Petota* Dumort. section of *Solanum* L. in the VIR collection. *Proceedings on Applied Botany, Genetics and Breeding*. 2023;184(2):226-234. [in Russian] (Рогозина Е.В., Гурина А.А. Распространение мозаичных вирусов картофеля на видах секции *Petota* Dumort. рода *Solanum* L. в коллекции ВИР. Труды по прикладной ботанике, генетике и селекции. 2023;184(2):226-234). DOI: 10.30901/2227-8834-2023-2-226-234
- Rogozina E.V., Ulianich P.S., Volkov V.A., Chalaya N.A., Potokina E.K. Genetic diversity of *Solanum pinnatisectum* Dun. and *S. chacoense* Bitt. by resistance to potato virus Y and results of DNA analysis. *Russian Journal of Genetics*. 2019;55(11):1330-1337. DOI: 10.1134/S1022795419110139
- Slater A.T., Schultz L., Lombardi M., Rodoni B.C., Bottcher C., Cogan N.O.I. et al. Screening for resistance to PVY in Australian potato germplasm. *Genes*. 2020;11(4):429. DOI: 10.3390/genes11040429
- Stakheev A.A., Uskov A.I., Varitsev Yu.A., Galushka P.A., Uskova L.B., Zhevora S.V. et al. Study of potato Y-virus isolates widespread in various regions of the Russian Federation using new molecular markers. *Zemledelie = Crop Farming*. 2023;(6):37-40. [in Russian] (Стахеев А.А., Усков А.И., Варицев Ю.А., Галушка П.А., Ускова Л.Б., Жевора С.В. и др. Изучение изолятов Y-вируса картофеля, распространенных на территории различных регионов Российской Федерации, с использованием новых молекулярных маркеров. *Земледелие*. 2023;(6):37-40). DOI: 10.24412/0044-3913-2023-6-37-40
- StatSoft Russia: [website]. [in Russian] (StatSoft Russia: [сайт]). URL: <http://statsoft.ru/products> [дата обращения: 10.02.2023].
- Takeuchi T., Sasaki J., Suzuki T., Horita H., Iketani S. High-resolution maps and DNA markers of the potato virus Y resistance gene *Ry_{chc}* and the potato cyst nematode resistance gene *H1*. *Breeding Research*. 2008;10(1):148.
- Torrance L., Taliansky M.E. Potato virus Y emergence and evolution from the Andes of South America to become a major destructive pathogen of potato and other *Solanaceous* crops worldwide. *Viruses*. 2020;12(12):1430. DOI: 10.3390/v12121430
- Valkonen J.P.T., Gebhardt C., Zimnoch-Guzowska E., Watanabe K. Resistance to potato virus Y in potato. In: C. Lacomme, L. Glais, D.U. Bellstedt, B. Dupuis, A.V. Karasev, E. Jacquot (eds). *Potato Virus Y: Biodiversity, Pathogenicity, Epidemiology and Management*. Cham: Springer; 2017. p.207-241. DOI: 10.1007/978-3-319-58860-5_8
- Voronkova E.V., Rusetskiy N.V., Luksha V.I., Gukasian O.N., Zharich V.M., Yermishin A.P. Marker assisted selection of potato breeding lines with combination of PVY resistance genes from different wild species. *Plant Biotechnology and Breeding*. 2019;2(4):6-14. [in Russian] (Воронкова Е.В., Русецкий Н.В., Лукша В.И., Гукасян О.Н., Жарич В.М., Ермишин А.П. Маркер-опосредованный отбор селекционных линий картофеля с комбинацией генов устойчивости к PVY от разных диких видов. *Биотехнология и селекция растений*. 2019;2(4):6-14). DOI: 10.30901/2658-6266-2019-4-01
- Yanagisawa H., Matsushita Y., Khiutti A., Mironenko N., Ohto Y., Afanasenko O. Occurrence and distribution of viruses infecting potato in Russia. *Letters in Applied Microbiology*. 2021;73(1):64-72. DOI: 10.1111/lam.13476
- Yashina I.M., Skljárova N.P., Simakov E.A. Results of use genetic sources from VIR collection in potato breeding for resistance to diseases and pests. *Proceedings on Applied Botany, Genetics and Breeding*. 2007;163:118-135. [in Russian] (Яшина И.М., Склярова Н.П., Симаков Е.А. Результаты использования генетических источников из коллекции ВИР в селекции картофеля на устойчивость к болезням и вредителям. *Труды по прикладной ботанике, генетике и селекции*. 2007;163:118-135).

Информация об авторах

Екатерина Алексеевна Иванова, ведущий специалист, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова, 190000 Россия, Санкт-Петербург, ул. Б. Морская, 42, 44, zavarihinakat@gmail.com, <https://orcid.org/0009-0008-0049-8781>

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

Ольга Сергеевна Косарева, кандидат сельскохозяйственных наук, старший научный сотрудник, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова, 190000 Россия, Санкт-Петербург, ул. Б. Морская, 42, 44, okosareva@vir.nw.ru, <https://orcid.org/0000-0003-0151-8349>

Алёна Алексеевна Гурина, кандидат биологических наук, научный сотрудник, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова, 190000 Россия, Санкт-Петербург, ул. Б. Морская, 42, 44, a.gurina@vir.nw.ru, <https://orcid.org/0000-0002-1791-3063>

Наталья Владимировна Алпатьева, кандидат биологических наук, ведущий научный сотрудник, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова, 190000 Россия, Санкт-Петербург, ул. Б. Морская, 42, 44, alpatievanatalia@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0002-5531-2728>

Information about the authors

Ekaterina A. Ivanova, Leading Specialist, N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources, 42, 44 Bolshaya Morskaya Street, St. Petersburg 190000, Russia, zavarihinakat@gmail.com, <https://orcid.org/0009-0008-0049-8781>

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

Olga S. Kosareva, Cand. Sci. (Agriculture), Senior Researcher, N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources, 42, 44 Bolshaya Morskaya Street, St. Petersburg 190000, Russia, okosareva@vir.nw.ru, <https://orcid.org/0000-0003-0151-8349>

Alena A. Gurina, Cand. Sci. (Biology), Researcher, N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources, 42, 44 Bolshaya Morskaya Street, St. Petersburg 190000, Russia, a.gurina@vir.nw.ru, <https://orcid.org/0000-0002-1791-3063>

Natalia V. Alpatieva, Cand. Sci. (Biology), Leading Researcher, N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources, 42, 44 Bolshaya Morskaya Street, St. Petersburg 190000, Russia, alpatievanatalia@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0002-5531-2728>

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 24.07.2025; одобрена после рецензирования 25.08.2025; принята к публикации 05.11.2025.
The article was submitted on 24.07.2025; approved after reviewing on 25.08.2025; accepted for publication on 05.11.2025.