

5. Fu D., Szucs P., Yan L., Helguera M., Skinner J.S., von Zitzewitz J., Hayes P.M., Dubcovsky J. Large deletions within the first intron in *VRN-1* are associated with spring growth habit in barley and wheat // Mol. Genet. Genomics. 2005. Vol. 273. P. 54–65.
6. Kippes N., Debernardi J.M., Vasquez-Gross H.A., Akpinar B.A., Bu-dak H., Kato K., Chao S., Akhunov E., Dubcovsky J. Identification of the vernalization 4 gene reveals the origin of spring growth habit in ancient wheats from South Asia. // Proc. Natl. Acad. Sci. USA. 2015. No. 112(39). P. 5401–5410.
7. Scarth R., Law C.N. The control of day length response in wheat by the group 2 chromosomes // Z. Pflanzenzücht. 1984. Vol. 92. P. 140–150.
8. Yan L., Helguera M., Kato K., Fukuyama S., Sherman J., Dubcovsky J. Allelic variation at the *VRN-1* promoter region in polyploid wheat // Theoretical and Applied Genetics. 2004. Vol. 109. P. 1677–1686.
9. Zhang X.K., Xiao Y.G., Zhang Y., Xia X.C., Dubcovsky J., He Z.H. Allelic variation at the vernalization genes *Vrn-A1*, *Vrn-B1*, *Vrn-D1*, and *Vrn-B3* in Chinese wheat cultivars and their association with growth habit // Crop Sci. 2008. Vol. 48. P. 458–470.

UDC 575.162

Zubanova Yu. S., Filobok V. A., Guenkova E. A., Davoyan E. R., Boldakov D. M., Mikov D. S.

**Identification of allelic combinations of the *Ppd-D1*, *Vrn-A1*, *Vrn-B1* and *Vrn-D1* genes in common wheat lines obtained in the National Center of Grain named after P. P. Lukyanenko**

**Summary.** An analysis of the allelic composition of the genes determining photoperiodic sensitivity (*Ppd-D1*) and the need for vernalization (*Vrn-A1*, *Vrn-B1*, *Vrn-D1*) was carried out in 286 common wheat lines obtained in the National Center of Grain named after P. P. Lukyanenko with the use of allele-specific primers. The analyzed samples were distributed over 21 haplotypes; the dominant allele of the *Ppd-D1a* gene prevailed in the studied material. 123 lines of common wheat carry a combination of D-RRD alleles. The lines that can be attributed to the group of alternate wheat (R-RDR, R-RRD) were identified. All studied samples carry the recessive allele of at least one *VRN1* gene.

**Keywords:** alleles of *Vrn* and *Ppd* genes, molecular markers, lines of common wheat.

DOI 10.33952/2542-0720-2020-5-9-10-65

УДК 633.18.03: 633.181: 575: 631.527

Коротенко Татьяна Леонидовна, Мухина Жанна Михайловна

**Сравнительная характеристика интродуцированной китайской генплазмы риса и адаптированных местных сортов кубанской селекции в условиях юга России**

ФГБНУ «Федеральный научный центр риса»

e-mail: korotenko.tatyan@mail.ru

Для Краснодарского края рис (*Oryza sativa* L.) – это стратегическая культура, а для Китая – главная национальная продовольственная. Родиной риса считают Южноазиатский центр, обладающий большим генотипическим разнообразием. Азия – самый большой материк по площади, который дал миру более 70 % всей культурной флоры [1]. Для сохранения биоразнообразия, получения полезных признаков для селекции и снижения генетического родства современных сортов в российских научных организациях созданы и поддерживаются рабочие коллекции зерновых, масличных и крупяных культур. В коллекциях значимых сельскохозяйственных культур важное место занимают новые формы растений, интродуцированные из различных почвенно-климатических зон земного шара, так как обмен генплазмой в последнее десятилетие ученые рассматривают как необходимый компонент в повышении урожайности и устойчивости новых сортов.

Основной генофонд риса в России сосредоточен в ФИЦ ВИР им. Н. И. Вавилова (г. Санкт-Петербург) – более 10 тыс., и головном научном учреждении по вопросам рисоводства ФГБНУ «ФНЦ риса» (г. Краснодар) – более 7,1 тыс., а национальный Генный банк Китая насчитывает более 80 тыс. образцов культуры. Эти коллекции являются хранителями уникального генетического материала риса с широким диапазоном признаков

из разных агроэкологических групп. Для эффективного использования исходных форм в селекционных программах проводят скрининг мирового разнообразия культуры традиционными агрономическими, современными классическими и молекулярно-генетическими методами анализа образцов [2, 3].

Цель исследований – изучение в экологических условиях Кубани параметров проявления морфо-биологических, вегетативных и хозяйственных признаков российских и китайских генотипов риса и выявление адаптированных продуктивных форм. Исследования проводили на базе коллекционного питомника УНУ «Коллекция генетических ресурсов риса» в условиях полевого опыта орошаемого участка ФГБНУ «ФНЦ риса» (г. Краснодар). Закладку опыта, учеты и наблюдения, визуальные оценки, фенологические наблюдения, биометрический анализ растений проводили по стандартным методикам и классификатору рода *O. sativa* L. [4, 5]. Для изучения взяты образцы двух подвидов *indica* и *japonica* российской и китайской национальной селекций: 28 линий риса с генами расоспецифической устойчивости к пирикулярриозу селекции Ляонинг (Китай), 12 сортов «ВНИИ риса» и 32 сорта китайской селекции из коллекции.

В результате эксперимента отмечено, что период вегетации изученных форм варьировал от 98 до 155 дней, то есть выявлены как раннеспелые, так и очень позднеспелые формы, при этом все образцы дали репродукцию семян. По высоте растений китайские линии характеризовались как низкорослые, в то время как среди российской генплазмы преобладали среднерослые морфотипы. Вариация признака «высота растений» – в пределах 63,0–119,0 см. Устойчивостью к полеганию растений обладали практически все исследуемые генотипы, кроме среднеустойчивых китайских сортообразцов: Ми 07-980, Long ting 18, NSR 00252 Csing Feng 2.

Отечественная селекция направлена на создание сортов риса с компактной вертикальной метелкой. Исследуемые сорта существенно различались по форме метелки: от компактной (1 балл) до развесистой (9 баллов), а ее положение у изучаемых генотипов варьировало от вертикального (1 балл), наклонного (5 баллов) и до поникающего (9 баллов).

К особенностям архитектоники растений сортов риса китайской селекции можно отнести формирование длинной слабо- и среднеразвесистой поникающей метелки и вертикальное расположение флагового листа (5–10 °). Однако имелись и линии с морфотипом сходным с кубанскими сортами риса. Длина флагового листа варьировала в пределах 13–40 см, а ширина – от 0,8 до 1,8 см. В большинстве китайские образцы формировали флаговый лист средний и длинный, зерно по опушению – шероховатое, соломенной окраски чешуй, по форме округло-овальный колосок. Длиннозерных форм среди китайской генплазмы не выявлено. У сортов риса российской селекции признак «длина метелки» более выровнен, а у китайских образцов наблюдали существенную его вариабельность. «Масса зерна с метелки», «число колосков» и «плотность метелки» – наиболее важные признаки, связанные с продуктивностью растения риса и урожайностью сорта. Показатель признака «число колосков на метелке» варьировал по сортам от 50 до 175 штук, а величина пустозерности у исследуемых образцов находилась в пределах 5,3–35 %. В большинстве случаев процент стерильности колосков у китайских образцов был низким, что указывает на хороший биологический потенциал сортов при выращивании в экологических условиях юга России. Генотипическая изменчивость признака «плотность метелки» у зарубежных образцов составила от 4,1 до 12,3 шт./см, при показателях 6,3–9,8 шт./см у местных сортов. Масса зерна с растения у исследуемых сортообразцов варьировала в пределах 2,4–4,7 г. Вариация массы 1000 зерен по сортам – 18,1–49,3 г, а у исследуемых китайских генотипов крупность зерна на уровне низкой и средней (18,1–25,0 г). Повышенной крупности зерно сформировали китайские сорта – Kendao 34, Liaokai 79, Kenddao 8, NSR 00252 Csing

Feng 2, Dong -415 и кубанские сорта – Соната, Крепыш, Привольный 4 и ВНИИР 6753. На естественном фоне в полевом опыте среднеустойчивыми к патогену местной популяции пирикулярриоза, наряду со стандартом Победа 65, были китайские сорта Kendao 34, Ronguang, Tianjing 1 и линия Pi 9-177.

В ходе работы для дальнейшей селекционной работы выделены продуктивные интродуцированные формы: сорта Long ting 18, Long ting 12, NSR 00252 Csing Feng 2, Tong Jing 29, Ji sheng 202 и линии Lider /Takanari 2, IRIS 251-53324, Longgeng 39, Liaoxing 21, Liaoxing 401, Gangyu 129, Gangan 8, Longjing 3, Liaojing 168, NY11 и Pi 9-177.

*Исследования проведены в рамках гранта РФФИ 19-516-53001 ГФЕН\_а «Создание и применение предселекционных ресурсов риса с пирамидированными генами широкого спектра устойчивости к возбудителю пирикулярриоза».*

### Литература

1 Venuprasad R., Latha J., Shashidhar H. E., Hittalmani S. Evaluation of genetic diversity among rice cultivars adapted to rainfed low lands of southern Karnataka 1. Yield and related traits // Crop Res. 2002. Vol. 23. No. 3. P. 501–506.

2 Коротенко Т. Л., Садовская Л. Л. Результаты применения современных методов при изучении генетического разнообразия *Oryza sativa* L. // Труды Кубанского государственного аграрного университета. 2018. № 72. С. 202–206.

3 Fujimoto H., Quin Q., Kunihiro Y., Wu W., Tobita S. [et al.] Evaluation of plant genetic resources, development of novel breeding materials and their effective utilization // JIRCAS International Symposium Proceedings. No. 42. Japan Tsukuba: Japan international research center for agricultural sciences, 2005. P. 45–64.

4 Методические указания по изучению мировой коллекции риса и классификатор рода *Oryza* L. Ленинград: ВИР, 1982. 34 с.

5 Сметанин А. П., Дзюба В. А., Апрод А. И. Методики опытных работ по селекции, семеноводству, семеноведению и контролю за качеством семян риса. Краснодар: ВНИИ риса, 1972. 82 с.

UDC 633.18.03: 633.181: 575: 631.527

Korotenko T. L., Mukhina Zh. M.

#### **Comparative characteristics of the introduced Chinese rice germplasm and adapted local varieties of Kuban breeding under the environmental conditions of Southern Russia**

**Summary.** Under the environmental conditions of the Kuban region, morphological, vegetative and economic characteristics of the Russian and Chinese genotypes of *Oryza sativa* L. were studied; adapted productive forms were identified. In the course of research, productive introduced forms were selected for further breeding work. Sixteen lines were tolerant to *Pyricularia* and demonstrated the strong biological potential and adaptability to the conditions of the region.

**Keywords:** rice (*Oryza sativa* L.), collection, introduction, comparative assessment, signs.

**DOI 10.33952/2542-0720-20205-9-10-66**

УДК 633.81

Кривда Светлана Ивановна, Невкрыгая Наталья Владимировна, Бабанина Светлана Сергеевна, Кривчик Нина Сергеевна, Кравченко Галина Дмитриевна, Соболева Елена Евгеньевна

#### **Анализ коллекции *Coriandrum sativum* L. по комплексу признаков**

ФГБУН «Научно-исследовательский институт сельского хозяйства Крыма»

e-mail: krivda\_svetlana65@mail.ru

Источником перспективных генотипов и доноров хозяйственно ценных признаков в селекции растений являются коллекции генофонда [1]. В отделе эфиромасличных и лекарственных культур ФГБУН «НИИСХ Крыма» поддерживается, пополняется и изучается коллекция кориандра *Coriandrum sativum* L. В 2017–2019 гг. проведено изучение 164 коллекционных образцов из 30-ти регионов мира по комплексу признаков. Все образцы, за исключением пяти сортов ФГБУН «НИИСХ